Michael Ruse

La filosofía de la biología

Alianza Universidad

Pocas áreas han sido tan descuidadas como LA FILOSOFIA DE LA BIOLOGIA, pese a que tanto los biólogos como los filósofos ganarían mucho con el estudio de la «tierra de nadie» que existe entre ambas disciplinas. Mientras los filósofos tienden a ignorar los progresos recientes de las ciencias de la vida, los biólogos suelen mostrarse indiferentes o incluso hostiles ante el trabajo de los filósofos modernos; con la negativa consecuencia de que los filósofos construyen muchas veces castillos en el aire y los biólogos se lanzan a batallas resueltas hace más de veinte años. Hasta fechas recientes, los filósofos de la ciencia solían construir sus análisis sobre el modelo de las teorías físicas más desarrolladas, como si la axiomatización de la mecánica newtoniana tuviese alcance universal. Críticas como las expuestas por N. R. Hanson en «Patrones de descubrimiento» (AU 177) han mostrado, sin embargo, las insuficiencias y limitaciones de ese enfoque. Ahora bien, MICHAEL RUSE piensa que los análisis clásicos de la estructura de las teorías científicas pueden seguir aplicándose todavía en considerable medida a la biología. Dado que la biología moderna surge con «El origen de las especies», de Charles Darwin, la teoría evolucionista ocupa gran parte de la atención del autor, si bien temas tales como la naturaleza de las leyes biológicas, la genética mendeliana y de poblaciones, la embriología, las presuposiciones teóricas de la taxonomía y los problemas filosóficos de la teleología en biología son también objeto de detenido estudio. En esta misma colección: «Hacia una biología teórica» (AU 156), de C. H. Waddington y otros; «Panoramas de la biología contemporánea» (AU 128), de A. Lehninger y otros; «Los orígenes de la vida» (AU 138), de L. E. Orgel; «Biología molecular» (AU 7) y «El problema de la vida» (AU 200), de C. U. M. Smith.

Alianza Editorial

ISBN 84-206-2250-8

9 788420 622507

Cubierta Daniel Gil

Michael Ruse

La filosofía de la biología

Versión española de
Ignacio Cabrera Calvo-Sotelo

angello.Manyari

Alianza
Editorial

Título original:
The Philosophy of Biology —Esta obra ha sido publicada por primera vez en inglés por Hutchinson & Co. (Publishers) Ltd., en 1973

Primera edición en "Alianza Universidad": 1979
Primera reimpresión en "Alianza Universidad": 1990

© Michael Ruse, 1973
© Ed. cast.: Alianza Editorial, S. A., Madrid, 1979, 1990
Calle Milán, 38, 28043 Madrid; teléf. 200 00 45
ISBN: 84-206-2250-8
Depósito legal: M. 30.458-1990
Impreso en Lavel. Los Llanos, nave 6. Humanes (Madrid)
Printed in Spain

INDICE

Agradecimiento 9
1. Introducción 10
2. Genética mendeliana 14
3. Genética de poblaciones 38
4. La teoría de la evolución. La Estructura 56
5. La teoría de la evolución. La Explicación 83
6. La teoría de la evolución. Pruebas 116
7. Taxonomía I. El enfoque evolucionista 148
8. Taxonomía II. El desafío fenetista 187
9. El problema de la teleología 210
10. La biología y las ciencias físicas 237
Epílogo 262
Bibliografía 265

angello.Manyari

AGRADECIMIENTO

Quiero expresar mi agradecimiento a todos los que me han ayudado a producir este libro. En primer lugar a Stephan Körner, quien me pidió un volumen para esta serie y me animó constantemente durante su redacción; en segundo lugar, a los filósofos y biólogos que leyeron parcial o totalmente las primeras versiones de este trabajo y aportaron detalladas críticas. Entre ellos, se encuentran Peter Alexander, A. J. Cain, Donald Colless, David Hull, Hugh Lehman, Alex Michalos y Roger Smook. Finalmente, agradezco a Kristina Casalini, Judith Martin y Barbara Michalos por haber mecanografiado el borrador de este libro y librado al lector de mi espantosa ortografía.

Agradezco a George Allen y Unwin Ltd. el permiso para las citas del libro de T. A. Goudge, *The Ascent of Life* [El ascenso de la vida], y análogamente a W. H. Freeman y Compañía por el libro de R. R. Sokal y P. H. A. Sneath, *The Principles of Numerical Taxonomy* [Los principios de la Taxonomía numérica].

Capítulo 1

INTRODUCCION

El autor de un libro sobre Filosofía de la Bilogía no tiene que disculparse por el tema que ha escogido, pues pocas áreas de la Filosofía han sido tan descuidadas como ésta, en los últimos cincuenta años. ¡Verdadera lástima, porque tanto los biólogos como los filósofos ganarían mucho con el estudio de esa «tierra de nadie» que existe entre las dos disciplinas! En realidad, los filósofos tienden a ignorar casi completamente los numerosos y sugestivos progresos recientes de la Biología, mientras que los biólogos suelen ser hostiles o indiferentes ante el trabajo de los filósofos modernos. Consecuentemente, los filósofos construyen castillos sin base científica, mientras que los biólogos luchan en batallas que los filósofos ganaron hace más de veinte años. En este libro pretendo mostrar un gran número de problemas que esperan ser estudiados por biólogos y filósofos; consideraré que ha sido un éxito, si logro transmitir, aunque sólo sea a unos pocos, mi entusiasmo por el tema.

No cabe apenas duda de que la moderna Bilogía data de 1859, fecha en que Charles Darwin publica su obra *El origen de las especies,* en la que lanzaba la teoría de que el mundo orgánico que vemos actualmente a nuestro alrededor es esencialmente el resultado de un lento y gradual proceso evolutivo, impulsado por lo que llamó «selección natural». Casi toda la Biología

moderna tiene una gran deuda con Darwin; por esta razón, podría pensarse que la mejor manera de comenzar es entrar directamente en la exposición y análisis de la versión moderna de la teoría de la evolución de Darwin, mejor conocida como teoría «sintética» de la evolución. Una parte de mi plan incluye la exposición y análisis de la teoría sintética, por razones que aparecerán más adelante, empezaré considerando el legado de otro gigante de la Biología del siglo XIX, Gregorio Mendel. Una vez que haya analizado, en el capítulo 2, la teoría mendeliana de la herencia (o más precisamente, la teoría neomendeliana de la herencia), estaré más capacitado para considerar la naturaleza de la selección natural y valorar su importancia para los biólogos modernos.

Sin embargo, antes de comenzar el estudio de Mendel, debemos discutir brevemente, en esta introducción, un asunto: no hay en la actualidad «escuelas» rigurosas de pensamiento acerca de la naturaleza filosófica de la Biología. No obstante, como la cabeza del Rey Carlos, una cuestión aparece constantemente en las discusiones: si la Biología es o no es una ciencia como la Física o la Química. Dado que en este libro examinaremos esta cuestión desde varios ángulos, sería quizá útil presentar aquí un breve esbozo de lo que, según mi opinión, es todavía la postura filosófica dominante acerca de las teorías de la Física y la Química. Se trata de la postura conocida comúnmente como «empirismo lógico». Obviamente, no puede hacerse aquí una exposición completa de esta postura y algunos de los puntos suscitados en este lugar serán más adelante discutidos con mayor detalle. (Cf. también Braithwaite, 1953; Nagel, 1961; Hempel, 1966). Quiero plantear cuatro cuestiones acerca de los tipos de resultados a que llegan las ciencias físicas.

1) Normalmente se piensa que el trabajo de los físicos se refiere a entidades de dos tipos. Al primer tipo pertenecen las moléculas, electrones, funciones de onda y cargas. Al segundo tipo, los péndulos, prismas y planetas. A las del primer tipo se las denomina a veces entidades «teóricas», «hipotéticas» o «no observables». A las del segundo tipo se las llama entidades «observables», «realmente existentes» o «no teóricas». Más tarde se analizará qué clase de distinción cabría hacer entre los diferentes tipos de entidades. Lo importante aquí es que casi todos los físicos creen que debería hacerse tal distinción.

2) Se afirma que las teorías de la ciencia física contienen dos

tipos de enunciados: enunciados *a-priori,* necesariamente ciertos, como los enunciados de la Lógica y las Matemáticas, y enunciados empíricos verdaderos y universales. De estos últimos se piensa que son necesarios en cierto sentido, aunque no lo sean lógica ni matemáticamente. A esta necesidad empírica se la llama a menudo necesidad «nómica» y a los enunciados se les denomina «leyes».

3) Comúnmente se supone que las teorías de la ciencia física son sistemas esencialmente «axiomáticos» o «hipotético-deductivos». Esto significa que se comienza con una serie de enunciados como premisas, esto es, no probados dentro de un sistema, y de ellos se derivan todos los demás enunciados del sistema. La mecánica newtoniana se considera normalmente el ejemplo paradigmático de un sistema científico: se utilizan como premisas los enunciados de las leyes del movimiento de Newton y de ellas se deducen, en cierto sentido, los enunciados de las leyes de Kepler. Es también corriente que las premisas de los sistemas científicos físicos se refieran principal o exclusivamente al tipo de entidades que hemos calificado de «teóricas», mientras que las entidades «no teóricas» sólo aparecen en algunos de los enunciados derivados. Por consiguiente, una teoría física contiene «principios-puente», que permiten pasar del discurso sobre las entidades de un tipo al discurso sobre las entidades de otro tipo.

4) Intimamente relacionada con las afirmaciones acerca de la naturaleza axiomática de las teorías, está la opinión de que las explicaciones en las ciencias físicas son de un tipo particular. Sin entrar aquí en detalles, parece que básicamente se afirmaría que una explicación consiste en una derivación de un enunciado acerca de la cosa que se está explicando, a partir de otros enunciados, de los cuales, por lo menos uno, es una «ley». Las explicaciones de este tipo se llaman comúnmente explicaciones basadas en «leyes cubrientes» y, como es bien sabido, frecuentemente se afirma que estas explicaciones pueden constituir una base para hacer predicciones.

Cualquiera que tenga un mínimo conocimiento de Filosofía de la Ciencia, sabrá que estas cuatro afirmaciones, aun aplicadas a la Física, están sujetas a muchas críticas (por ejemplo, Hanson, 1958; Achinstein, 1971). Dado que este libro no será un texto elemental general de la Filosofía de la Ciencia, únicamente diferenciable por estar adornado con unos cuantos ejemplos biológicos, se pasarán por alto muchas de las críticas. Sin embargo, permítaseme

declarar aquí, con reservas de consideración que deben subrayarse, mi opinión de que las afirmaciones anteriores son verdaderas, si se aplican a las ciencias físicas. Por otra parte, permítaseme también expresar mi opinión de que estas afirmaciones pueden aplicarse en gran medida a las ciencias biológicas; por lo menos, tienen mucha mayor aplicación de la que han supuesto muchos de los que escriben sobre Biología. Sospecho además que a menudo cuando no pueden aplicarse a la Biología, tampoco son aplicables a la Física. Por lo tanto, pienso que con respecto a estas afirmaciones no puede establecerse una línea neta de separación entre los diferentes tipos de ciencia. Pero, en cualquier caso, el lector debe juzgar estas cuestiones por sí mismo. Y para que pueda hacerlo, pasemos ahora a la Biología.

Capítulo 2

GENETICA MENDELIANA

Como es bien sabido, el trabajo de Mendel fue prácticamente desconocido durante treinta años. Sin embargo, después de su redescubrimiento a principios de este siglo, se ha desarrollado con gran profundidad y rapidez una teoría de la herencia basada en sus ideas. Llamaré a esta teoría «Genética mendeliana» para distinguirla de la moderna «Genética molecular», que será el tema del capítulo 10. Empezaré aquí considerando la unidad mendeliana de la herencia, el «gene», para ocuparme a continuación de cierto número de problemas filosóficos que se desprenden de su estudio. Debo apuntar que, inicialmente, por razones que aparecerán en breve, consideraré la Genética únicamente desde el punto de vista de una teoría que intenta explicar la transmisión de los caracteres hereditarios. Más tarde introduciré otros elementos de juicio pertinentes para la teoría. Debo señalar también que, por el momento, prescindiré, de forma un tanto alegre, de aquellos organismos que ofrecen dificultades a la Genética mendeliana. Más adelante, presentaré ejemplos de estos organismos y analizaré su significado. (George, 1964, es una buena introducción tanto para la Genética mendeliana como para la Genética molecular).

2.1. *El gene mendeliano*

El gene —concepto central de la teoría que estamos considerando aquí— tiene muchos aspectos, pero, por definición, parece ser la *unidad de función*. Con esto se quiere decir que, en cierta

forma, los genes son las causas últimas de todas las características orgánicas heredables. Es una función de sus genes que un hombre tenga ojos marrones; que los tenga azules, es una función de sus genes; que un hombre tenga cabello castaño, negro, liso, rizado o no lo tenga, todo ello es el resultado de los diversos genes de que es portador. Sin embargo, es importante notar cuidadosamente desde el principio que, al definir los genes como causas últimas de las características orgánicas, no se está afirmando que los genes sean las *únicas* causas de tales características. Son, por así decir, la contribución del organismo a su propio desarrollo. El medio ambiente tiene igualmente un papel vital en el desarrollo y un cambio en él puede tener indudablemente un efecto tan drástico sobre la forma final de un organismo como un cambio en un gene. Por ejemplo, los genes controlan la estatura, pero, como es bien sabido, una mala nutrición durante los tempranos años de la infancia puede tener un efecto tan nocivo sobre el crecimiento como un cambio en los genes.

Se supone que en los organismos sexuados, los genes se reparten clara y equitativamente en dos series y que a cada miembro de una serie corresponde una pareja y solamente una, en la otra serie. Se dice que estas parejas ocupan el mismo «locus». También se supone que un gene particular puede estar repetido —a este respecto los genes son significativamente parecidos a las pequeñas partículas de la Física, pues se supone que los genes pueden ser absolutamente idénticos entre sí; no son meramente «más o menos parecidos»—. Los genes de un locus particular pueden ser iguales, pero pueden también ser diferentes. Los miembros de una serie de genes diferentes que pueden ocupar el mismo locus se llaman «alelos». (Obviamente, en un organismo concreto, un mismo locus admite como máximo dos miembros de dicha serie.) Si un organismo tiene genes idénticos en un locus particular, se dice que es «homocigoto» con respecto a ese locus. Si los genes no son idénticos, se dice entonces que el organismo es «heterocigoto». Algunas veces ocurre que el heterocigoto tiene la misma apariencia que el homocigoto, en cuanto a uno de los genes del locus; en este caso, al gene cuyos efectos se muestran en el heterocigoto se le llama «dominante» y a su pareja, «recesivo». Debería advertirse que dominancia y recesividad no son términos absolutos. Un gene podría ser dominante con relación a un segundo gene y recesivo con respecto a un tercero. Señalemos también que ciertos genes

afectan a más de una característica. Estos se conocen como genes «pleiotrópicos». Algunos otros genes forman series que afectan conjuntamente a una característica singular de tal forma, que no pueden discernirse los efectos de un gene individual; son los llamados «poligenes».

Pasemos ahora a un aspecto del gene un tanto diferente: se ha argüído que el gene es el nexo entre una generación y la siguiente. En este sentido, el gene es la *unidad de herencia*. Cada progenitor contribuye a la descendencia y esta transmisión está gobernada por lo que se conoce como «leyes de Mendel», que enunciamos a continuación:

Primera ley de Mendel (conocida también como «ley de la segregación»)

Para cada individuo sexuado, cada progenitor contribuye con un gene, y sólo con uno, de los genes de cada locus. Estos genes proceden de los correspondientes loci paternos y la posibilidad de transmitirse que tiene cualquier gene paterno, es la misma que la del otro gene que ocupa el mismo locus en el progenitor.

Segunda ley de Mendel (conocida también como «ley de la independencia de los caracteres»)

Las posibilidades que tiene un descendiente de recibir cierto gene concreto de un progenitor particular son idependientes de las posibilidades que tienen los demás descendientes de recibir cualquier otro gene (en un locus diferente) de dicho progenitor. (Es decir, los genes de cada locus segregan independientemente de los genes de otros loci).

Es particularmente importante hacer dos observaciones acerca de estas leyes. Primera: se supone que las unidades de herencia son transmitidas por entero y sin contaminar de una generación a la siguiente—los genes de los progenitores existentes en el individuo no se «mezclan» en ninguna forma durante la vida de éste. En este sentido, la Genética mendeliana, a diferencia de las que la precedieron, es de tipo «individualizado». Segunda observación: ninguna de las leyes tal como se han enuciado más arriba, es estrictamente verdadera. Más adelante en este capítulo consideraremos algunas de las excepciones a las leyes y sus implicaciones; ¡estudiaremos en particular, si las leyes reales pueden admitir excepciones! Por el momento, tomemos únicamente nota de una importante reforma que debe hacerse a la segunda ley de Mendel,

pues se ha descubierto que ciertos genes no segregan independientemente y que, en consecuencia, la posibilidad que tiene un gene concreto de transmitirse a la descendencia es realmente una función de los demás genes que están siendo transmitidos. Los genetistas explican estas excepciones de la segunda ley de Mendel con la siguiente hipótesis: se supone que los genes están en hileras, que estas hileras se ordenan en pares, que los genes de un locus están siempre en miembros diferentes de un par, y que, en cierto momento anterior a la reproducción, las filas se emparejan de tal modo, que cada gene se sitúa frente a su pareja correspondiente. Se argumenta a continuación que los genes pertenecientes a pares de hileras diferentes segregan independientemente (como establece la segunda ley), pero los genes de una hilera concreta se transmiten juntos a la descendencia, a menos que se produzca el fenómeno conocido como «sobrecruzamiento» [«crossing-over»] en ciertos puntos, un par de hileras puede romperse y los extremos libres unirse con los extremos del par opuesto. De este modo, los genes de una parte de la hilera pueden ser transmitidos con los genes de la parte opuesta de la hilera apareada. También se ha emitido la hipótesis de que el «sobrecruzamiento» [«crossing-over»] pueda producirse más de una vez y, por consiguiente, los genes de los extremos opuestos de una hilera segregarán casi independientemente, mientras que los genes muy cercanos segregarán casi siempre juntos. Se presenta ahora una pregunta: ¿qué pasa cuando ciertas características se transmiten siempre juntas? Los genetistas suponen que esto se debe al pleiotropismo, es decir, que un mismo gene produce estas características. Aquí tenemos, por lo tanto, otro aspecto del gene: es la *unidad mínima de «sobrecruzamiento»*, es decir, que no puede dividirse por «sobrecruzamiento» [1].

Consideremos finalmente, en esta breve exposición de la Genética, la cuestión de la estabilidad del gene. Se ha alegado que un gene es normalmente muy estable y que éste o una réplica, puede permanecer inmutable durante muchas generaciones. Sin embargo, se cree que un gene se torna a veces en un gene de tipo diferente; esto explicaría, por lo tanto, que los organismos

[1] Realmente el asunto del «sobrecruzamiento» es bastante más complejo de lo que se ha presentado aquí. Concretamente, antes de que se produzca, hay una duplicación del material genético. Por lo tanto, en el «sobrecruzamiento» se encuentran implicadas cuatro hileras que forman dos parejas. No es necesario aquí proseguir con el estudio de este factor de complicación.

lleven nuevos caracteres hereditarios. Este cambio, conocido con el nombre de «mutación» nos presenta otra definición del gene: es lo que muta. Desde el punto de vista de la Genética se supone que la mutación es instantánea y, según la teoría, es esencial que este cambio se produzca «al azar». Con esto no se quiere decir que el cambio no tenga causa —de hecho, se conocen varias causas de mutación que son aceptadas como tales para todos los demás casos—, sino más bien que un cambio en un gene nunca es función de las necesidades particulares de un organismo. Las nuevas características hereditarias no aparecen «sobre pedido». Cuando la mutación produce una nueva característica hereditaria, el organismo debe inferir de ello lo que puede, pues su origen no estaba relacionado con una concreta situación crítica de su poseedor.

Tenemos ahora ante nosotros apenas el esqueleto de la Genética mendeliana; sin embargo, estamos ya en condiciones de plantear algunos problemas de gran importancia filosófica. En concreto podemos preguntar si esta teoría biológica de la herencia se corresponde en algún sentido con la concepción lógico-empirista de una teoría física, bosquejada brevemente en el capítulo 1. Para contestar a esta pregunta, examinaré por turno, las cuatro exigencias lógico-empiristas escogidas que merecen especial atención: las dos primeras en este capítulo y las otras dos en el siguiente. Paso, pues, sin más a mi problema filosófico principal, a saber, si la Genética mendeliana se refiere o no a entidades de dos tipos diferentes.

2.2. ¿De qué tipo de entidades se ocupa la Genética mendeliana?

En el capítulo anterior vimos que se arguye comúnmente que las entidades a que se refieren las teorías físicas parecen ser de dos tipos. Por un lado, tenemos cosas como moléculas, electrones y cargas; por otro lado, cosas como los péndulos y los planetas. Ahora bien, a primera vista, parece que en la Genética mendeliana encontraríamos referencias a entidades de estos dos tipos. Del mismo tipo que la molécula, tenemos el gen (y, más generalmente, toda la colección de genes de un organismo, que forman el «genotipo»). Del mismo tipo que el péndulo, tenemos las características físicas de un organismo (cuyo conjunto se conoce como «fenotipo»). ¿Es correcta nuestra primera intuición que distingue de esta manera, el genotipo del fenotipo?

Sugeriré que esta primera intuición es básicamente correcta, pero también que el asunto es bastante complejo, ya que, como varios autores han señalado recientemente, no parece haber ningún modo absoluto de establecer una distinción entre las diversas entidades de la ciencia. Ciertamente no hay una manera única de abarcar todas nuestras intuiciones; por el contrario, hay varias maneras de distinguir entre las entidades de la ciencia y, si bien son todas, a su modo, informativas y en parte semejantes, cada distinción tiene sus límites peculiares; de hecho, los mismos métodos de división no son totalmente inequívocos. Antes de referirnos a la dicotomía genotipo-fenotipo, examinemos esta cuestión general con mayor detalle, considerando tres de los criterios más aceptados para demarcar las entidades científicas (Cf. también Spector, 1966; Achinstein, 1978).

Quizá la forma más obvia de hacer explícita la intuición de que las entidades de la ciencia se dividen en dos grupos sea expresarla en términos de la capacidad de observar y ver las diversas entidades. Así, los miembros de la primera serie de entidades (la serie que incluye a la molécula) son *inobservables,* mientras que los integrantes de la segunda serie (la serie que incluye al péndulo) son *observables*. Desafortunadamente, si lo pensamos un poco, nos daremos cuenta enseguida de que este criterio de demarcación no es tan taxativo como podría parecer a primera vista. Imagínese, por ejemplo, que cierto número de científicos toman nota en cierta forma, de un fenómeno lunar (por ejemplo, un eclipse). Los científicos *A, B y C* viajan a Sudamérica. *A* está al aire libre y ve el eclipse con sus propios ojos, lo mismo que *B* (si bien éste lleva gafas), mientras que *C* entra en el laboratorio y mira el eclipse a través de un telescopio (lo que implica lentes y quizá reflectores). El científico *D* permanece en su casa y ve el eclipse en una transmisión simultánea de televisión; *E* sólo ve más tarde las películas filmadas durante el eclipse; *F* únicamente mira fotografías y *G* solamente lee los informes. Parece que los científicos *A, B* y *C* pueden propiamente decir que, en cierta manera, han observado el eclipse; creo también que casi todos estaríamos dispuestos a admitir que (en un sentido más bien cualificado) *D* también lo ha observado. (Ciertamente, muchos de nosotros afirmamos haber visto al primer hombre poner los pies en la luna, aunque difícilmente podríamos haber estado allí.) Si ampliamos el sentido del término «observar», podríamos decir que para

E y *F* el eclipse fue, en una manera más bien poco consistente, un fenómeno «observable» u «observado». Pero si admitimos al menos algunos de estos diferentes significados de «observar» —y claramente debemos admitir alguno además del tipo de observación de *A*, ya que es indudable que, por ejemplo, *C* observó el eclipse de modo muy real, cosa que *G* no hizo—, es entonces obvio que la distinción que se haga de las entidades en observables e inobservables va a estar estrechamente relacionada con el significado particular que se dé al término «observación». En mi ejemplo (que ciertamente no incluye todos los tipos de observación), la serie de entidades observables con el tipo de observación *A* será menos numerosa, pero estará incluida en la serie de entidades observables con el tipo de observación *B*, y esto ocurrirá más o menos hasta llegar al tipo de observación *F*.

Podría objetarse que mi ejemplo es defectuoso, por cuanto supone que las entidades no observables son inobservables *en principio*, mientras mi análisis se ha centrado en un fenómeno (un eclipse lunar) que es o era observable en principio para cualquiera de los científicos *A-G*. Pero dejando de lado la cuestión de si un hombre corto de vista es capaz de ver *en principio* objetos distantes (particularmente fenómenos que deben ser vistos a distancia como los eclipses o el arco-iris), o si se puede en principio observar directamente fenómenos que ya han pasado, aun concediendo esto, mi análisis no sufrirá gran detrimento. Imagínese un científico C_1 (análogo a *C*) que observa un objeto muy pequeño a través de un microscopio óptico. Sin duda está observando este objeto de forma mucho más real y directa que un colega G_1 que se entera de los descubrimientos de C_1 a través del periódico. Como, después de todo, cualquier observación por directa que sea, implica que los rayos de luz pasen a través de un medio transparente, sería extraño, por no decir arbitrario, que por el hecho de que este medio sea tanto el vidrio como el aire, excluyéramos el objeto estudiado del mundo de nuestra experiencia directa. Pero si esto se da por supuesto, entonces algunos objetos que son en principio inobservables (cuando «observable» significa «observable a simple vista»), se convierten en observables, cuando se entiende este término en un sentido más amplio.

Por tanto, sugeriría que el corolario de todo esto es, no que no se pueda hablar de entidades observables o inobservables, sino que se tiene que especificar por adelantado lo que se quiere decir

con «observable» e «inobservable» en un contexto determinado. Así, por ejemplo, se podría decir que la molécula es inobservable, si «observable» significa «visible a simple vista» o incluso con ayuda de microscopios ópticos. Por otro lado, si la noción de «observable» se amplía al uso de microscopios electrónicos, técnicas fotográficas, etc., se podría decir entonces, en un sentido algo pickwickiano, que ciertas macromoléculas son observables, al menos en un sentido que no puede afirmarse de entidades más pequeñas. Por supuesto, esto no niega que muchas cosas —como los electrones— seguirán pareciendo inobservables, cualquiera que sea la distinción hecha entre observable e inobservable; lo contrario ocurrirá con cosas del tipo del péndulo. Por esta razón es importante no desorbitar los casos extremos. Pero las diferentes maneras de establecer la distinción observable—inobservable hacen patente la existencia de bastantes entidades intermedias que, dependiendo del lugar por donde se trace la línea de demarcación, estarán en uno u otro lado de la misma.

Puesto que la dicotomía observable-no observable parece más bien poco exacta, podríamos intentar algo por completo diferente. Quizá la división de las entidades podría establecerse en base a si son *hipotéticas* o no lo son. Así, por ejemplo, sabemos que las sillas, las mesas y los péndulos existen, pero que las moléculas, los átomos y los campos eléctricos requieren la construcción de «hipótesis». Por tanto, su existencia es hipotética, inferida y nunca realmente conocida. Sin embargo, aunque esta distinción de entidades en hipotéticas y no hipotéticas recoge parte de nuestra división intuitiva de las entidades científicas, no está claro que sea suficientemente fuerte para soportar toda la carga de la división. Consideremos el átomo de hidrógeno, por ejemplo: posiblemente nos gustaría incluirlo en nuestra serie hipotética. ¿Diríamos entonces, que, de hecho, se trata de una entidad «hipotética»? A mi modo de ver, casi todos los físicos dirían gustosamente que están absolutamente convencidos de que el átomo de hidrógeno existe. Ciertamente no es hipotético en el sentido corriente del término, que indica una cierta duda real, como, por ejemplo, cuando un fiscal dice: «Bien. Consideremos ahora qué se supone que ha hecho este segundo intruso hipotético.» De modo similar, se podrían considerar como hipotéticas ciertas cosas, si se establece la división de cierta manera, aunque, en nuestra opinión deberían pertenecer a la serie no hipotética. Es posible, por ejemplo, que existan grandes depósi-

tos de petróleo en el Norte de Canadá; pero, aunque así lo piensen muchos científicos, este petróleo es, por el momento, «hipotético», aun cuando, en nuestra dicotomía observable-inobservable, pertenecería a la sección observable.

De nuevo, ninguno de estos puntos niega que la división hipotético-no hipotético carezca de cierto sentido, ni tampoco que la división sea, en buena medida, una réplica de la división observable-inobservable. (Más exactamente podríamos decir que las diferentes formas de hacer una división son réplicas de las distintas formas de hacer otra división). Probablemente, casi todas las entidades que, en cierto sentido, llamaríamos «inobservables», son, o eran al menos, en cierta forma hipotéticas; lo mismo ocurre con las entidades observables y no hipotéticas. Por ejemplo, el cronon, un quantum de tiempo, que parece inobservable, puede ser aún hipotético. Atomos y moléculas, aunque barruntados desde muy antiguo y probablemente ya hoy no hipotéticos, fueron en un tiempo considerados como hipotéticos. También parecen pertenecer principalmente a la sección de lo inobservable, aunque es importante advertir que, probablemente, su cambio a la sección de lo no hipotético es, en una pequeña parte, función de su desplazamiento en la dirección de significados más amplios de lo observable. Por el contrario, las sillas y las mesas no son comúnmente demasiado hipotéticas y, de modo similar, son más o menos observables.

Una tercera forma —la última que consideraremos— de hacer explícita nuestra división intuitiva de las entidades científicas, puede expresarse en términos de un tipo de dicotomía *teórico-no teórico*. Esta dicotomía puede explicitarse detalladamente de varias formas, según usemos términos complejos o sencillos para el profano en estas disciplinas. Quizá la base más obvia de la división sea el sentido de un término íntimamente ligado a una teoría científica concreta que usamos para referirnos a una entidad teórica, que no se da cuando nos referimos a una entidad no teórica. Este parece ser, en cierta forma, el más prometedor de los métodos de clasificar entidades científicas, pues está bastante claro que términos como «energía cinética» o «electrón» no tienen demasiado sentido, si no se conoce un poco de la teoría dentro de la cual se encuadran, mientras que para conocer una «silla» o una «mesa» no se requiere una amplia base científica. Más aún, este método guarda un estrecho paralelismo con los demás métodos de división.

Las entidades observables, por ejemplo, pueden verse directamente antes de tener conocimiento de ninguna teoría, o de formular ninguna hipótesis. Por el contrario, las entidades no observables o hipotéticas sólo se nos hacen patentes por medio de teorías. Varios filósofos han afirmado recientemente que todo concepto científico está, en cierto sentido, relacionado con una teoría científica concreta, es decir, que tiene en cierto modo, una «carga teórica». Se ha afirmado ciertamente que muchos conceptos relativos a cosas que pertenecen a la sección de lo observable y no hipotético tienen una «carga teórica». Así, por ejemplo, Hanson dice, a propósito del término «cráter», que la afirmación de que algo es un cráter, «introduce la astronomía teórica dentro de las mismas observaciones (...) Calificar de cráter una determinada concavidad es referirse a su origen, afirmar que su creación fue rápida, violenta, explosiva» (Hanson, 1958, 180). Por otro lado, se puede ciertamente ver cráteres y no hay duda de su existencia[2].

En conjunto, podemos ver la posibilidad de hacer varias divisiones entre las entidades científicas y al hacerlas, descubrimos cosas sumamente interesantes acerca de ellas. Sin embargo, aunque podemos tener una impresión intuitiva de que las entidades científicas son de tipos diferentes y todas estas divisiones recojan alguna de las razones que se esconden detrás de nuestra intuición, parece claro que no hay una forma absolutamente válida de dividir las entidades científicas y que las diferentes maneras de dividir probablemente dan lugar a clasificaciones algo diferentes (a pesar de su parecido fundamental). Siendo esto así, examinemos ahora la distinción genotipo-fenotipo. Comencemos con la dicotomía observable-inobservable para ver cómo puede el análisis precedente eliminar nuestras intuiciones.

Al presentar, tal como he presentado en este capítulo, la Genética mendeliana, no he hecho mención alguna de la observación; por tanto, se podría pensar que el gene mendeliano es una entidad totalmente inobservable e inobservada. Pero, obviamente, ésta es una visión deformada de la situación. Cuando se restringe la observación al nivel de observación sin ayuda de instrumentos, se reduce

[2] En justicia debe señalarse que la afirmación de que toda observación tiene una carga teórica es muy controvertible y muchos filósofos se oponen a ella. Yo mismo he afirmado en otro lugar (Ruse, 1970a) que en el siglo XIX muchas de las cuestiones disputadas entre los evolucionistas y los partidarios de la Creación especial se referían a observaciones sin carga teórica.

el gene mendeliano ciertamente a una entidad inobservable. Mirando sólo los organismos, no podemos ver sus genes. Sin embargo, si se amplía la noción de observación hasta incluir el empleo de microscopios (en particular, microscopios ópticos), entonces la situación varía. Vemos entonces que los organismos están formados por células, que estas células poseen partes muy ordenadas y que, dentro de una de las partes de la célula —el «núcleo»— se encuentran pares de entidades parecidos a cordones —los «cromosomas»— del tipo supuesto para los portadores de los genes. También se ve que, en el momento de la formación de las células sexuales, los cromosomas sufren un proceso similar al «sobrecruzamiento» [«crossing-over»], formando «quiasmas»; que las células sexuales contienen solamente uno de cada par de cromosomas y que cada individuo es el resultado de dos células sexuales (una de cada progenitor) que se combinan. Finalmente, aunque la mutación de un gene no pueda ser observada, puede verse que, a veces, los cromosomas se rompen y que esto puede conducir al cambio fenotípico. Por lo tanto, está claro que si se identifica a los cromosomas con los portadores de los genes mendelianos, se pueden observar muchas de las cosas que afirma la Genética mendeliana y contestar a algunas de las cuestiones que quedaban sin respuesta en mi primera exposición. En particular, puede mostrarse que todo organismo no posee únicamente una serie de genes, pues esta serie se repite en todas las células (excepto en las células sexuales).

Sin embargo, aun cuando admitamos esto y demos al término «observación» un sentido amplio, sería claramente falso concluir que el gene es una entidad observable. En primer lugar, porque gran parte de nuestro conocimiento de la célula y los cromosomas se obtiene indirectamente. Rara vez se han observado las importantísimas células sexuales; se han visto otras más dóciles al estudio microscópico. A partir de estas últimas células se ha inferido la naturaleza de las células sexuales. Por ejemplo, a propósito de la mosca de la fruta, *Drosophila,* uno de los objetos más comunes del estudio genético, la mayor parte de nuestro extenso conocimiento de sus cromosomas se ha obtenido del estudio de los cromosomas gigantes de las glándulas salivales de su larva. En segundo lugar, aun cuando nos apoyemos en nuestro conocimiento «citológico» —el conocimiento de la célula—, estamos aún muy lejos de afirmar que podemos observar el gene mismo o sus muchos aspectos (algunos de los cuales enumeramos anteriormente en este capítulo).

Ver el portador del gene —el cromosoma— no significa necesariamente ver el gene mismo, pues, como es bien sabido y se discutirá con cierto detalle en el capítulo 10, se cree en la actualidad que el gene está constituido por una larga macromolécula de una sustancia llamada «ácido desoxirribonucleico» (ADN), cuyos filamentos se enrollan uno sobre otro, por pares, formando una doble hélice. Ciertamente esto no puede verse con un microscopio óptico. Recientemente se ha afirmado que, hasta cierto punto, se puede «ver» esta hélice y, al menos supuestamente, fotografiar la sombra de la molécula de ADN, con ayuda del microscopio electrónico, si previamente se recubre con algún metal pesado. Sin embargo, aun cuando se afirme que esto es «observación» del gene, es obvio que se trata de un tipo de «observación» sumamente técnico. Si al mirar una fotografía de algo se le aplica solamente el significado mínimo de «observación», ¿qué significado correspondería a ver únicamente la fotografía de una sombra? ¿Podemos decir que una fotografía de la sombra de la armadura del Príncipe Negro es una observación del Príncipe Negro (aun suponiendo que éste se encuentra dentro de la armadura)? Pero ni siquiera este tipo de observación capta al gene como unidad de función.

Por lo tanto, está claro que, si se admite que el gene mendeliano se puede observar con ayuda de instrumentos (y creo que debe admitirse al menos en algunos casos), entonces tiene en su favor algunas comprobaciones por observación. (Me refiero aquí a pruebas directas por observación, ya que, obviamente, hay gran cantidad de pruebas indirectas, como las aportadas por experimentos de cruzamiento.) Sin embargo, aun admitiendo esto, que no es poco, el gene mendeliano sigue siendo en gran medida una entidad inobservable[3].

Volvamos ahora a la cuestión del fenotipo. Inicialmente se puede pensar que casi no habría duda de que las características

[3] Por supuesto, si identificamos el gene con la molécula de ADN y consideramos que solamente es esto, entonces no es sorprendente ni interesante que el gene tenga las propiedades que poseen las pequeñas entidades físicas. Sin embargo, en este momento, no los estoy identificando, pues únicamente estoy considerando el gene como fenómeno biológico. Mi referencia a la molécula de ADN pretende meramente señalar que posiblemente hay ciertas pruebas, obtenidas por observación, de la forma helicoidal del gene; las implicaciones físico-químicas de esta forma no tienen importancia en este momento, pues todavía nos encontramos dentro del reino biológico.

morfológicas y de comportamiento de los organismos pertenecen a la dimensión observable de la experiencia. Obviamente, esto es verdadero en gran medida. Se puede observar tanto el vientre rojo del puerco espín macho sexualmente activo, como su complicado rito sexual. Sin embargo, hay al menos un par de cuestiones que muestran que la pregunta sobre la naturaleza del fenotipo no deja de plantear problemas. En primer lugar, muchos organismos no pueden ser observados a simple vista —los microbios y los virus, por ejemplo—. Algunos son tan pequeños que propiamente sólo pueden «verse» con ayuda del microscopio electrónico. Así, por ejemplo, aun el fenotipo del fago T4 puede clasificarse como observable (en un sentido muy amplio), si se admite que la observación puede implicar el empleo de instrumentos de aumento electrónicos, sumamente complicados. Por supuesto, ocurre lo mismo con muchas de las propiedades fenotípicas de organismos más grandes. Por una razón un tanto diferente, la mayor parte de los fenotipos de muchos organismos de tamaño corriente son inobservables para los biólogos, por lo menos en un importante aspecto. Por definición, el objeto de estudio inicial del paleontólogo son los restos de organismos muertos hace mucho tiempo. Ahora bien, podría darse el caso de que un paleontólogo experto pudiera reconstruir la naturaleza y costumbres de un organismo, partiendo de unos cuantos huesos fosilizados dispersos; pero sonaría quizá un tanto extraño decir que el paleontólogo «observa» un ejemplar de *Archaeopterix,* pues ciertamente no lo observa de la misma forma que yo observo ejemplares de *Passer domesticus* (gorrión), desde mi mesa de desayuno. Quizá sea aún más extraño decir que el paleontólogo observa organismos cuando infiere su existencia a partir de los restos de sus huellas o heces[4].

En conjunto, parece que la dicotomía observable-inobservable, o más bien, las diferentes formas de expresarla, recoge si no toda la diferencia entre fenotipo y genotipo, por lo menos una parte de ella; por el contrario, no está claro que todos los fenotipos pertenezcan a una sección de la división y los genotipos a la otra. El tipo de impedimentos de una división clara en el mundo inorgánico ejerce también su influencia en el mundo orgánico.

[4] Por supuesto, no se niega que con ayuda de una máquina del tiempo, el paleontólogo pudiera observar directamente sus organismos, pero —ésta es la cuestión— normalmente no presuponemos la existencia de máquinas del tiempo, cuando hablamos de «observación».

Tras esta conclusión, revisemos brevemente las otras dos formas en que podemos intentar hacer una división entre fenotipo y genotipo.

En cuanto a la dicotomía hipotético-no hipotético, no cabe duda de que, aproximadamente hasta 1910, los biólogos consideraban a los genes como entidades hipotéticas y se negaban a atribuirles el mérito de algo tan vulgar como la existencia (Carlson, 1966). Sin embargo, la acumulación de pruebas y particularmente la afluencia de datos citológicos consiguieron disminuir las dudas sobre la existencia real de los genes; en efecto, estoy seguro que hoy en día ningún genetista mendeliano duda que existan los genes, por lo menos no más de lo que podría dudar de la existencia de las sillas y las mesas. Por supuesto, esto no quiere decir de ningún modo que un genetista mendeliano pretenda (o haya pretendido) afirmar que su conocimiento del gene en general o de algún gene en particular es (o era) total. Por ejemplo, la naturaleza exacta del «sobrecruzamiento» ha sido puesta en duda hasta hace poco tiempo, así como las causas exactas de la mutación han sido objeto de intensas especulaciones durante mucho tiempo. Por consiguiente, aunque la existencia del gene como tal podía no ser demasiado hipotética, lo eran hasta cierto punto y todavía lo son algunas de las propiedades que se le atribuyen. Dígase lo mismo de la existencia de ciertos genes individuales.

En contraposición con lo anterior, no parece en forma general que la naturaleza de los fenotipos sea demasiado hipotética. No hay excesivas dudas acerca de la existencia de las rayas de la cebra. Sin embargo, sí hay algunas excepciones a esta regla: muchas características orgánicas de comportamiento, por ejemplo, fueron puestas en tela de juicio durante mucho tiempo (y algunas todavía lo son). Por otra parte, la existencia de los microbios se consideró hipotética (si no totalmente falsa) hasta los trabajos de investigadores como Pasteur. Un debate parecido tuvo lugar a finales del siglo XVII acerca de si los fósiles eran o no restos de organismos muertos hacía mucho tiempo. Aún hoy, los paleontólogos tienen que hacer hipótesis acerca de muchas características de los objetos de su estudio, especialmente si se trata de cosas perecederas como la piel o el comportamiento. Por lo tanto, aunque la mayor parte de los fenotipos son no hipotéticos, algunos se han considerado como hipotéticos y ciertas partes de algunos fenotipos aún siguen siendo consideradas hipotéticas.

Finalmente, la dicotomía teórico-no teórico no distingue exactamente el genotipo del fenotipo. Como es natural, el gene mendeliano es el objeto central de la Genética mendeliana y, por tanto, no se puede hacer gala de un gran conocimiento sobre esta entidad sin cierto conocimiento de la disciplina. Por el contrario, no se requiere tan profundo conocimiento de Genética para hablar de una pierna, de un brazo o de todo un organismo, como el de la *Drosophila melanogaster*. Sin embargo, ni siquiera aquí la cuestión está totalmente zanjada. Veremos en próximos capítulos que un conocimiento total de las características orgánicas podría muy bien requerir el conocimiento de una teoría; en concreto, un discurso sobre esas características puede presuponer el conocimiento de la *función* que tienen y ello, como veremos, se refiere a una teoría concreta de la evolución. También veremos que el discurso sobre un tipo concreto de organismo (por ejemplo, decir que la *Drosophila pseudoobscura* y la *D. miranda* sólo se diferencian en un número limitado de genes) se refiere a un tipo determinado de historia (que, a su vez, sólo puede inferirse mediante una teoría particular). Por el momento, sólo hay que agregar a este respecto que esta dicotomía, una vez más, establece aproximadamente la misma división que las otras dicotomías, con el agravante de que tal división no parece ser suficientemente inequívoca.

Para finalizar el estudio de esta sección, recapitulemos las observaciones principales. Puede parecer que, aunque intuitivamente pudiera establecerse una división entre las entidades a las que se refieren las teorías físicas, surgirían muchas preguntas al tratar de especificar la base exacta de esta división. Parecen estar implicadas preguntas acerca de la observabilidad de las entidades, acerca de la naturaleza hipotética de las mismas, acerca de su dependencia teórica. Aunque las divisiones basadas en consideraciones distintas coincidan aproximadamente, las secciones concretas que se establezcan dependerán de la exactitud con que se interpreten las consideraciones mismas. Por otro lado, gran parte del análisis aplicado a las entidades de la Física y la Química parece tener aplicación directa a las entidades de la Genética mendeliana. Como vimos, los tres criterios de demarcación parecen distinguir entre genotipo y fenotipo. Sin embargo, como también vimos, tal división es sólo una aproximación y el asunto en su conjunto es bastante más complejo. Si se admite el uso de instrumentos, muchos aspectos del gene son, entonces, observables, mientras que, aun con la

ayuda de instrumentos, algunos fenotipos son, en cierto sentido, inobservables. Esto no niega que, en muchos aspectos básicos, los genotipos sean inobservables, mientras que los fenotipos son observables. El gene mismo puede no ser hipotético, pero lo fue en un tiempo y, en muchos aspectos, lo sigue siendo; por el contrario, en general, podemos decir que los fenotipos ni son ni fueron nunca hipotéticos, aunque algunos lo fueron en un tiempo y otros todavía lo siguen siendo. Lo mismo ocurre con algunas características fenotípicas. Finalmente, el gene parece tener un nexo mucho más fuerte con la teoría que los fenotipos, pero quizá incluso aquí, debido a la carga teórica del fenotipo, la cuestión es más bien complicada.

Por lo tanto, parece que, basándonos en nuestra argumentación, los genes mendelianos serían muy semejantes a muchas de las entidades de las ciencias físicas, en particular a las del tipo de las moléculas. Esto se sostiene tanto porque los genotipos parecen estar, en las divisiones que acabamos de examinar, en la misma sección que las moléculas, como porque las divisiones no zanjan inequívocamente la cuestión en todos los casos y las ambigüedades reconocen un origen del mismo tipo (por ejemplo, las ambigüedades que origina el tipo de instrumentos que se quiera permitir sin abolir el carácter de entidad observable). Por el contrario, en este aspecto los fenotipos son semejantes a cosas del tipo de los péndulos. Con estas conclusiones, debemos pasar ahora a examinar el siguiente aspecto de la Genética mendeliana, que gira en torno a la segunda afirmación lógico-empirista ya mencionada, que se refiere a las leyes.

2.3. ¿Contiene leyes la Genética mendeliana?

Hemos visto que en la Genética mendeliana, hay enunciados que los biólogos llaman «leyes», las dos leyes de Mendel. Sin embargo, en este punto encontramos una primera crítica de la Biología: recientemente, un influyente filósofo de la Ciencia ha alegado que las llamadas «leyes» de la Biología (incluso las de la Genética mendeliana) no son realmente leyes. En su libro *Philosophy and Scientific Realism (Filosofía y Realismo científico)*, Smart arguye que para que se dé realmente una ley (y no simplemente algo llamado «ley») se deben satisfacer al menos dos condiciones:

la primera, que podríamos llamar condición de «universalidad no restringida», especifica que una ley debe aplicarse verdaderamente en el universo y en el tiempo; la segunda condición prescribe que una ley no debe referirse explícita o implícitamente, a ningún lugar u objeto concretos (en particular, no debe referirse a la Tierra). Según Smart, las supuestas leyes de la Biología dejan sin cumplir al menos una de estas condiciones. Normalmente se refieren a la Tierra y, aun prescindiendo de esta referencia, es probable que no sean ciertas en cualquier lugar del universo.

Para ilustrar este punto, Smart invita al lector a considerar lo que él ve como un típico ejemplo no analítico de afirmación general de la Biología: «los ratones albinos producen siempre descendencia albina.» Sobre esta afirmación que supuestamente los biólogos consideran una ley, Smart escribe: «¿Qué son los ratones? Son un tipo particular de animales terrestres, unidos por ciertas relaciones de parentesco, definidos por su lugar en el proceso evolutivo (...) Por lo tanto, la palabra «ratón» se refiere implícitamente a nuestro planeta Tierra» (Smart, 1963, 53). Por consiguiente, no hay aquí ninguna ley real.

La respuesta obvia a esta crítica redefine «ratón» sin hacer referencia a la Tierra (por ejemplo, mediante una serie de propiedad A_1, A_2... A_n); pero esto, siempre según Smart, implica una violación de la condición de universalidad no restringida.

> No hay duda de que podríamos encontrar una serie de propiedades tales que sólo las posean los ratones entre los animales terrestres. La dificultad estriba en que ahora no hay ninguna razón para suponer que nuestra ley sea verdadera. La proposición de que todos los que posean las propiedades A_1, A_2... A_n y sean albinos tendrán descendencia albina, es muy probablemente falsa... En cierto planeta perteneciente a una remota estrella es posible que exista una especie animal albina, con las propiedades A_1, A_2... A_n, pero sin la propiedad de tener descendencia albina. (Smart, 1963, 54.)

Por lo tanto, otra vez estamos sin una ley real.

De forma parecida, las leyes de Mendel no escapan a la atención crítica de Smart y quedan relegadas al limbo de las generalizaciones universales no nómicas. Smart escribe acerca de la ley de la segregación de Mendel:

> «Ni siquiera las poblaciones terrestres segregan totalmente según el principio mendeliano, por muchas razones, de las cuales la más importante es el fenómeno del «sobrecruzamiento». Aun cuando tratemos de salvar esta ley añadiendo cláu-

sulas como «en ausencia de "sobrecruzamiento"», nuestra ley se vería seguramente conculcada por algún extraño método de reproducción existente en otras esferas. Sin duda puede haber razones que nos permitan suponer que la vida en otros mundos tiene una constitución química parecida a la vida en el nuestro. Quizá podamos suponer que en todos los casos comenzó con la creación de aminoácidos y con la combinación de éstos en moléculas más grandes. Sin embargo, sería especular demasiado afirmar que, en los demás planetas, las cosas han sucedido siempre como en el nuestro, y que, por ejemplo, los códigos genéticos están inscritos necesariamente en las moléculas de ácido nucleico, como ocurre en la Tierra. Quizá sí, quizá no; en cualquier caso, nuestro discurso se desarrolla a nivel bioquímico.» (Smart, 1963, 56.)

La acusación de Smart es sumamente seria, ya que es perfectamente obvio, como él admite brillantemente, que si no existen leyes en Biología, entonces cualquier tentativa de fundir la Biología (en particular, la Genética) en un sistema axiomático preciso, claro y formal, será un tanto forzada. Las proposiciones no analíticas de la Biología no serán suficientemente firmes para ello. Tendremos que resignarnos al hecho de que la Biología sea para siempre diferente de la Física y la Química (en este contexto, «diferente» es un eufemismo, en realidad quiere decir «de segunda categoría»).

Afortunadamente puede probarse, a mi modo de ver, que Smart está equivocado en todos los argumentos pertinentes a su intento. Para demostrarlo, consideraré primero en esta sección lo que nos permite decir de algo que es una «ley de la naturaleza», enseguida demostraré que no hay buenos argumentos para denegar este título a las leyes de Mendel. En el capítulo 3 examinaré la afirmación subsidiaria de Smart de que la Biología (en particular la Genética mendeliana) no puede ser verdaderamente axiomática y, para demostrar que Smart se equivoca, pondré un ejemplo suplementario de ley biológica. Más adelante volveré a considerar la cuestión de la ley y examinaré algunos enunciados aspirantes a leyes, fuera del área puramente genética, que dan lugar a mayores controversias.

¿Qué es una ley de la naturaleza? O más concretamente, ¿qué distingue una ley de otros enunciados? Hemos visto que, según la concepción lógico-empirista, una ley de la naturaleza debe ser un enunciado verdadero, universal y no analítico. Pero, por supuesto, aun cuando admitamos esto como condición necesaria de lo que debe ser una ley, hay otros enunciados verdaderos, universales y no analíticos a los que no pretenderíamos llamar leyes. Así, por ejemplo, aceptamos llamar «ley» a la ley de Boyle («para

una masa determinada de gas a temperatura constante, presión x volumen = constante») y a la ley de Snell («siempre que un rayo de luz incide sobre el límite que separa dos medios, se desvía de tal suerte que la razón del seno del ángulo de incidencia al seno del ángulo de refracción es siempre una cantidad constante para esos dos medios»). Sin embargo, aun suponiendo, para seguir el ejemplo de Smart, que es verdadero que «siempre que giremos el botón izquierdo de una radio obtendremos un chirrido», no llamaríamos a esto una «ley», a pesar de que, obviamente, también es universal y no analítica. La razón de ello es que, como ya mencioné anteriormente, las leyes parecen ser, en cierto sentido necesarias («nómicamente» necesarias), mientras que el enunciado acerca de la radio no lo parece. De alguna forma, su verdad es una «cuestión de azar»: las cosas bien pudieran haber sido de otra manera.

Pero preguntemos ahora dónde se origina la impresión de que las leyes deben ser necesarias. Como señalaron enfáticamente Hume y Kant, no es algo que veamos, sino algo que nosotros mismos debemos suministrar. En este punto, creo, interviene el criterio de Smart sobre la universalidad no restringida. Aunque no haya ninguna implicación lógica, tenemos la impresión de que, si hubiera algo que se mantuviera en cualquier tiempo y lugar, este mantenimiento debería estar por encima de una mera contingencia. (No tiene aquí importancia que tengamos o no razón al creer esto. Estoy únicamente tratando de ver si las «leyes» de la Biología son parecidas a las leyes de la Física y la Química y no investigando si la noción de «ley» es en sí misma un concepto defendible.) En otras palabras, estoy sugiriendo que, si hay algo que satisfaga el criterio de universalidad no restringida, deberemos llamarlo «ley» (prescindiendo por el momento, de la segunda condición de Smart para las leyes).

Ahora bien, dar la categoría de ley, si se satisface el criterio de universalidad no restringida, tiene el obvio inconveniente de ser totalmente impráctico. Hasta ahora, nadie puede comprobar supuestas leyes en Andrómeda y nadie podrá nunca comprobarlas en el período Devónico. Por tanto, debemos encontrar alguna forma indirecta para convencer, a un radio-aficionado por ejemplo, de que su presunta ley («siempre que giremos el botón izquierdo de una radio, se producirá un chirrido») no es una ley real, mientras que las leyes de Boyle o Snell sí lo son. Lo que obviamente

debemos hacer es rebajar las exigencias de la condición de universalidad no restringida hasta encontrar algo que pertenezca al campo de nuestra experiencia. A lo sumo podemos pedir que lo que llamamos «ley» no esté en contra de ninguna de nuestras creencias (en particular, de las teorías que aceptamos), que se mantenga en una amplia gama de diferentes condiciones, algunas de las cuales, por lo menos, serán tales que nunca hubiéramos pensado que la ley se mantuviese bajo ellas, antes de haber concebido la ley. Puesto que la ley resulta ser válida bajo diferentes circunstancias, algunas de las cuales no fueron previstas con anterioridad, pensamos que la ley será verdadera a través del tiempo y del espacio, bajo diversas circunstancias, muchas de las cuales no podemos ni siquiera imaginar. El punto álgido está, pues, en que las leyes de Boyle y Snell se aplican en una amplia gama de situaciones diferentes (algunas de las cuales eran desconocidas antes de que las leyes fueran formuladas), mientras que la «ley» de la radio ni siquiera satisface esta versión muy limitada de la condición de universalidad no restringida. Por lo tanto, sugiero que en estas pruebas se apoyaría nuestra impresión de necesidad nómica[5].

Antes de que podamos volver a la Biología, es necesario exponer brevemente tres observaciones adicionales. En primer lugar, aunque el radio-aficionado finalmente abandonara la defensa de su «ley», podría en justicia señalar que muchas de las cosas que los físicos llaman «leyes» ni siquiera satisfacen la condición limitada que he expuesto más arriba. Consideremos, por ejemplo, el siguiente enunciado, sugerido por Hempel: «En cualquier cuerpo celeste que tenga el mismo radio que la Tierra, pero doble masa, la caída libre partiendo del reposo está regida por la fórmula $s = 32t^2$» (Hempel, 1966, 57). Aunque bien puede no existir tal cuerpo celeste, los físicos probablemente seguirían llamando «ley» a este enunciado. La respuesta a este problema, en mi opinión, estriba en que los físicos están dispuestos a llamar «ley» a un enunciado, aun cuando la condición de universalidad no restringida se satisfaga sólo indirectamente. Si un enunciado es parte del cuerpo axiomático de una teoría científica o se sigue de tal teoría (como se sigue

[5] En este momento estoy hablando de nuestros *elementos de juicio* en favor de las leyes. No estoy sugiriendo que las leyes se descubran simplemente observando un conjunto de diferentes ejemplos.

el enunciado de Hempel de la mecánica newtoniana), los físicos están, entonces, conformes en admitir que las pruebas en favor de la totalidad (que puede ser muy grande, como en el caso de la mecánica newtoniana), pueden contar en favor de una parte (que puede tener muy pocas pruebas, como es el caso del enunciado de Hempel).

En segundo lugar, debe mencionarse el hecho de que, aunque la mayor parte de las concepciones de lo que debe ser una ley, incluyen la verdad como una de las condiciones necesarias, tal cosa no es estrictamente válida para casi ninguna ley (esto es, para un enunciado al que se da el nombre de «ley»). Ni la ley de Boyle ni la de Snell se sostienen exactamente bajo cualquier circunstancia: la ley de Boyle deja de verificarse drásticamente a altas temperaturas y presiones; lo mismo ocurre con la ley de Snell en ciertos medios (como el espato de Islandia). Consecuentemente, debemos reconocer que incluso las leyes de la Física son a menudo tan sólo aproximadamente verdaderas y, por eso, señalan la exclusión de ciertas substancias, etc. Más aún, frecuentemente hay cierto tipo de «evolución» de las leyes, cuando los físicos tratan de disminuir el grado de error que una ley lleva consigo. (Piénsese en la evolución desde la ley de Boyle a la ecuación de Van der Waals y más allá.) Obviamente, existe cierta tensión al afirmar por un lado que las leyes son necesarias y admitir, por otro lado, que no son verdaderas. Quizá sea lo mejor considerar que las leyes son verdaderas dentro de ciertos límites y con cierta aproximación. Pero debemos reconocer estas limitaciones, aun en la Física, pues la mayor parte de los ensayos las olvidan (Cf. Scriven, 1961).

Finalmente está la cuestión de la segunda condición que impone Smart para dar rango de ley a un enunciado: ninguna ley debería referirse a lugar o tiempo concretos. Le guste o no, Smart debe reconocer que hay ciertos enunciados que los físicos llaman «leyes», que se refieren a cosas concretas; las leyes de Kepler son el ejemplo paradigmático. Quizá la mejor solución de compromiso sea distinguir, como hacen Hempel y Oppenheim, entre leyes «fundamentales» y «derivadas» (Hempel y Oppenheim, 1948). Las leyes fundamentales son aquellas que satisfacen el segundo criterio de Smart (como, por ejemplo, las leyes de Newton); las leyes derivadas hacen referencia a lugar o tiempo determinados y se infieren de las leyes fundamentales y de otros presupuestos (como las leyes

de Kepler). Adviértase que esta es una fórmula de compromiso, ya que las leyes de Kepler fueron consideradas como «leyes», antes de demostrarse —más bien incorrectamente— que derivaban de las leyes de Newton.

Una vez concluida esta breve discusión acerca de la naturaleza de las leyes, pasemos a la Biología. A la vista del amplio terreno abarcado, ¿está bien fundada la afirmación de Smart de que las leyes de Mendel no son reales? Yo diría terminantemente que no lo está. En primer lugar, se han encontrado pocos enunciados científicos que satisfagan más plenamente la condición limitada de universalidad no restringida. Desde que Mendel propuso por primera vez sus leyes, se las ha encontrado válidas para una serie de organismos que va desde los elefantes al bacalao, desde las algas a los robles. Además, casi todas estas pruebas son posteriores al descubrimiento de las leyes de Mendel, por lo que las circunstancias no estaban incluidas en su formulación. Mendel trabajó con una serie muy limitada de organismos, principalmente plantas de guisante. Y verdaderamente los resultados publicados por Mendel son probablemente demasiado buenos para ser ciertos. Ello significa quizá que Mendel había ya descubierto las leyes antes de realizar la mayor parte de los experimentos con el guisante (Fisher, 1936; Wright, 1966).

Mirando el asunto desde el lado contrario, veamos las acusaciones específicas que Smart lanza en contra de las leyes de Mendel. Arguye que la ley de la segregación se desmorona por el fenómeno del «sobrecruzamiento» y que, por lo tanto, no puede ser una ley auténtica. Aun cuando enmendemos la «ley» de manera que ya no sea falsa, probablemente surgirá un error por otra parte. En cualquier caso, avanzar demasiado por el camino de la renovación, nos reducirá probablemente a hablar sólo a nivel bioquímico o, como añade más tarde Smart, a convertir nuestras leyes en tautologías. «Tratar de formular leyes en el sentido estricto, que describan los procesos evolutivos en cualquier lugar y momento, sólo puede hacerse, en mi opinión, convirtiendo nuestras proposiciones en meras tautologías» (Smart, 1963, 59).

Como réplica a Smart es importante aclarar antes que nada (como hemos visto) que se necesita reformar la ley de independencia de los caracteres y que, en todo caso, el problema es el eslabonamiento, no el «sobrecruzamiento». En segundo lugar, parece injusto condenar esta «ley», porque requiera una reforma, cuando leyes

como las de Boyle o Snell también la han requerido. No se trata de que lo erróneo de la «ley» fuera algo de lo que no pudiéramos dar razón, ni de que tal fracaso pudiese producirse fácilmente otra vez, en cualquier momento, pues sabemos ahora que las excepciones se deben a que los genes se encuentran enlazados en el mismo cromosoma y que —cosa digna de mención— estos genes obedecen a leyes propias sumamente estrictas. De hecho, dado que las leyes que gobiernan los genes del mismo cromosoma se cumplen tan estrictamente, los genetistas han podido ordenar los genes con gran precisión en «mapas» cromosómicos[6].

En tercer lugar, en contra de Smart, aunque debe admitirse que hay otras excepciones de las leyes de Mendel, más concretamente, que genes no cromosómicos no obedecen a la primera ley, estas excepciones, obviamente interesantes para los biólogos, no prueban más que los casos similares en contra de las leyes de la Física y la Química. (Más aún, las leyes de Mendel normalmente se enuncian hoy de tal forma que quedan específicamente restringidas a los genes cromosómicos). En cuarto lugar, Smart no puede evitar llamar «leyes biológicas» a las leyes de Mendel, aunque pretenda que ahora son bioquímicas. Sea cual fuere la relación corriente entre la Genética mendeliana y las ciencias físicas, el gene mendeliano no tiene carácter físico-químico. Como señalé anteriormente, mi exposición de la Genética mendeliana no presupone ningún conocimiento de la Física o de la Química. En realidad, el alboroto actual de los científicos ante la posibilidad de que la Genética se conciba y presente como parte de las ciencias físicas, proviene precisamente de que la Genética mendeliana *no* es parte de las ciencias físicas. En quinto y último lugar, las leyes de Mendel son cualquier cosa menos tautológicas, pues lógicamente es posible que uno de los progenitores suministre siempre las tres cuartas partes de los genes de la descendencia y que ninguno de los genes segregue independientemente.

[6] En justicia, debe admitirse que mediante un perfeccionamiento de la noción de sobrecruzamiento, las cláusulas que tratan de las excepciones de la segunda ley de Mendel, han estado sujetas al tipo de evolución mencionado al hablar de las leyes de la Física. Pero este perfeccionamiento, que se discutirá en un capítulo posterior, parece no ser otro que el encontrado en la Física y, por tanto, no hay razón ninguna para establecer una división clara entre la Física y la Biología. En todo caso, la reforma no afecta a la segunda ley de Mendel, cuando ésta no se aplica a los genes del mismo cromosoma.

Parece, en conjunto, que no tenemos muchas razones para aceptar la afirmación de Smart de que la Biología no tiene leyes y, en concreto, que las leyes de Mendel no presentan el carácter de leyes (entendido esto en el sentido de «ser leyes como las de las ciencias físicas»). Además, empleando los términos que hemos adoptado anteriormente, es importante advertir que las leyes de Mendel son «fundamentales», pues no hacen referencia a lugar o tiempo concretos. Por lo tanto, en este aspecto, la Biología no tiene nada de particular[7].

Antes de concluir esta parte de la discusión, es importante señalar que las leyes de Mendel presentan una característica —que debe admitirse— de la que no participa ninguna de las leyes de las ciencias físicas, como la ley de Boyle por ejemplo: son leyes *estadísticas*. Nos dicen con qué probabilidad deben producirse ciertos fenómenos (por ejemplo: «un gene se transmite con una probabilidad del 50%»), más bien que decirnos que indefectiblemente se presentarán. Como las leyes estadísticas aparecen también en las ciencias físicas (por ejemplo: «la vida media del radón es de 3,82 días»), la existencia de leyes estadísticas biológicas no da en sí un carácter distintivo a las ciencias biológicas; pero como veremos leyes de este tipo que se repiten en las discusiones biológicas a todo lo largo de este libro, no sería injusto, a mi modo de ver, decir que sentimos mayor confianza en las leyes estadísticas de la Biología que en muchas partes de las ciencias físicas. Por lo tanto, admito (no forzado, ciertamente, por Smart) que si bien nuestro estudio no ha descubierto todavía ninguna diferencia básica entre las ciencias físicas y biológicas, la estadística desempeña frecuentemente un papel más importante en la Biología que en la mayor parte de las ramas de la Física y la Química. Pero quiero subrayar que esto parece más una diferencia de cantidad que de cualidad y no es un criterio firme de demarcación del tipo que busca Smart.

[7] El ejemplo de los ratones, traído por Smart, no sería en detrimento de esta conclusión, una vez adoptada la distinción entre leyes fundamentales y derivadas. El ejemplo se sigue de la primera ley de Mendel junto con ciertos presupuestos sobre los genes del albinismo, aunque sospecho que los biólogos los llamaron presupuestos, porque vieron la dificultad de llamar «ley» al producto final, más bien que, como lo interpreta Smart, porque llamaran «ley» a algo que realmente no lo era.

Capítulo 3

GENETICA DE POBLACIONES

Hasta ahora nos hemos ocupado básicamente de la genética del individuo. En este capítulo, nuestro interés comenzará a desviarse de la genética del individuo para entrar en la genética del grupo, considerando las dos últimas afirmaciones deducidas de la tesis lógico-empirista, a saber, primera: la cuestión de la naturaleza axiomática de la Genética mendeliana, y segunda: la cuestión de su explicación. No existe, por supuesto, una distinción rigurosa y neta entre estos dos tipos de Genética y los biólogos no intentan establecerla. Sin embargo, suelen llamar «Genética de poblaciones» a los estudios que conciernen esencialmente a la herencia de grupo, contrapuestos al estudio del individuo, y sobreentienden que se trata de una porción del campo global de la Genética mendeliana. Objeto de este capitulo es este tipo particular de Genética. Retomaré mi análisis donde quedó, considerando la afirmación subsidiaria de Smart que dice: ninguna parte de la Biología puede tener, estrictamente hablando, una forma axiomática (Li, 1955, y Falconer, 1961, son buenos libros de consulta sobre Genética de poblaciones).

3.1. ¿Es la Genética mendeliana un genuino sistema axiomático?

Apoyándose en su ataque a la noción de ley biológica, Smart escribe:

Los autores que han tratado de axiomatizar las teorías (...) biológicas, me parece, están tan equivocados como quien tratara de enunciar la primera, segunda y tercera leyes de la Electrónica o las leyes que rigen la construcción de puentes. No es sorprendente que no existan leyes de la Electrónica ni de la construcción de puentes, aunque reconozcamos que tanto el ingeniero electrónico como el constructor de puentes deben utilizar leyes, a saber, las leyes de la Física. Los autores que han intentado axiomatizar la Biología (...) han pensado erróneamente que ésta (...) tiene el mismo carácter lógico que la Física, como ocurre con la Química (Smart, 1963, 52).

Ahora bien, puesto que la única base de esta afirmación que hace Smart, es la inexistencia de leyes en la Biología —existencia que, sin embargo, hemos demostrado al final del último capítulo—, su aseveración se queda en el aire. Por supuesto, destruir el argumento de Smart no prueba en sí mismo que la parte de la Biología que estamos exponiendo tenga una forma axiomática; así, pondré un ejemplo sencillo que pruebe que no sólo es verdad que *pueda* darse forma axiomática a la Genética, sino que, *de hecho* se le ha dado (de un modo totalmente incuestionable). De pasada, a la vez que desarrollo esta tarea principal, presentaré, como prueba de que la Biología contiene leyes (fundamentales), un enunciado tal que se considera una «ley», por su posición dentro de un sistema científico. Tambien demostraré que la Genética tiene «principios-puente» (entre el genotipo y el fenotipo) similares a los que encontramos en las ciencias físicas.

Dar forma axiomática significa utilizar, como premisas de partida, enunciados que, en la ciencia, son leyes como las verdades matemáticas y lógicas, y a partir de las que se derivan otros enunciados. Quiero considerar aquí la derivación de una ley muy importante en Biología, conocida con el nombre de Ley de Hardy-Weinberg (Abreviatura: Ley H-W). La derivación parte de la primera ley de Mendel y de otros presupuestos biológicos, como el que afirma que los cruces macho-hembra son iguales que los cruces hembra-macho (el presupuesto no siempre es verdadero, pero se sitúa dentro de los límites establecidos anteriormente); y de algunos presupuestos básicos de las Matemáticas. Para entender la Ley H-W, es necesario suponer una población de organismos sexuados en que pueda realizarse al azar cualquier tipo de cruzamiento (población panmíctica). También debemos suponer que la población es suficientemente numerosa para poder comportarse en todo como si fuera infinitamente grande. Para simplificar, nos limitaremos al locus de un gene y supondremos que en este

locus puede haber dos elementos A_1 y A_2. Esto significa que puede haber individuos A_1A_1; A_1A_2 y A_2A_2 (los dos homocigotos y el heterocigoto). Supongamos también que, en un cierto momento de la historia de la población, los genes A_1 respecto a los genes A_2 están en la proporción $P : q$. La Ley H-W establece que, si se supone que no hay influencias externas ni mutaciones en los alelos considerados, la proporción $A_1 - A_2$ seguirá siendo $P : q$ y los genotipos se dividirán en todas las generaciones posteriores a la primera, del siguiente modo:

$$p^2A_1A_1 : {}^2pqA_1A_2 : q^2A_2A_2$$

(esto es, en una muestra representativa de la población formada por n organismos, np^2 tendrán genes A_1A_1, n^2pq tendrán genes A_1A_2, y nq^2, genes A_2A_2). Como estamos considerando que A_1 y A_2 son los únicos genes en el locus considerado, $p + q = 1$, y la ley puede formularse también de la siguiente manera:

$$p^2A_1A_1 : {}^2p(1-p)A_1A_2 : (1-p)^2A_2A_2$$

Para ver el proceso de derivación de esta ley, supongamos una población que satisface las condiciones antedichas de la Ley H-W y cuya distribución inicial de genes entre los organismos es:

$$P\ A_1A_1 : H\ A_1A_2 : Q\ A_2A_2$$

(donde $P + H + Q = 1$). Así obtenemos el siguiente cuadro:

	Genes		Organismos		
	A_1	A_2	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
Frecuencias	p	q	P	H	Q

Ya que cada organismo puede aparearse de nueve formas diferentes y que los apareamientos son fortuitos, podemos elaborar un cuadro de frecuencia de los distintos tipos de apareamiento:

		Frecuencia de organismos macho		
		A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
		P	H	Q
Frecuencia de organismos hembra				
A_1A_1	P	P^2	HP	QP
A_1A_2	H	PH	H^2	QH
A_2A_2	Q	PQ	HQ	Q^2

Ahora bien, si consideramos la ley mendeliana de la segregación, podemos calcular las proporciones de los diferentes descendientes que resultarán de estos apareamientos.

Por ejemplo:

(1) Si A_1A_1 se cruza con A_1A_1 (en símbolos $A_1A_1 \times A_1A_1$), la descendencia será: A_1A_1.

(2) Si $A_1A_1 \times A_1A_2$, la descendencia será entonces $\frac{1}{2}A_1A_1$ y $\frac{1}{2}A_1A_2$.

(3) $A_1A_2 \times A_1A_2$ origina $\frac{1}{4}A_1A_1$, $\frac{1}{4}A_1A_2$, $\frac{1}{4}A_2A_1$, $\frac{1}{4}A_2A_2$.

(4) $A_1A_2 \times A_1A_1$ origina $\frac{1}{2}A_1A_2$ y $\frac{1}{2}A_1A_1$.

En los restantes cinco casos ocurre algo semejante. Pero, en este contexto, el cruzamiento de un macho que tiene un determinado genotipo con una hembra de genotipo distinto, es equivalente al cruzamiento de una hembra que tenga el primer genotipo con un macho del segundo genotipo; obviamente (aunque quizá no analíticamente), los genotipos A_1A_2 y A_2A_1 son equivalentes. Por lo tanto, podemos hacer el siguiente cuadro de la distribución de los genes en la descendencia:

Cruzamientos		Frecuencia de descendientes		
Tipo	Frecuencia	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
$A_1A_1 \times A_1A_1$	P^2	p^2	—	—
$A_1A_1 \times A_1A_2$	$2PH$	PH	PH	—
$A_1A_1 \times A_2A_2$	$2PQ$	—	$2PQ$	—
$A_1A_2 \times A_1A_2$	H^2	$\frac{1}{4}H^2$	$\frac{1}{2}H^2$	$\frac{1}{4}H^2$
$A_1A_2 \times A_2A_2$	$2HQ$	—	HQ	HQ
$A_2A_2 \times A_2A_2$	Q^2	—	—	Q^2
SUMA		$(P+\frac{1}{2}H)^2$	$2(P+\frac{1}{2}H)\ (Q+\frac{1}{2}H)$	$(Q+\frac{1}{2}H)^2$

Ahora bien, la relación entre p y q y entre P, H y Q es fácil de encontrar. Un organismo de genotipo A_1A_1 tiene dos genes A_1, uno de genotipo A_1A_2 tiene sólo un gene A_1, y uno de genotipo A_2A_2 no tiene ninguno. Por lo tanto, dados N miembros representativos de la población habrá $(2P+H)$. N genes A_1 y $(H+2Q)$. N genes A_2. En consecuencia, habiendo $2N$ genes en total, la proporción de genes A_1 es $[(2P+H)\cdot N]/2N$ y la de genes A_2 $[(H+2Q)\cdot N]/2N$. Por lo tanto, $p=P+\frac{1}{2}H$ y $q=\frac{1}{2}H+Q$. Por consiguiente, la distribución de la descendencia es:

$$(P+\tfrac{1}{2}H)^2\ A_1A_1 : 2(P+\tfrac{1}{2}H)\ (Q+\tfrac{1}{2}H)\ A_1A_2 : (Q+\tfrac{1}{2}H)^2 A_2A_2$$

o,

$$p^2 A_1A_1 : 2pq\ A_1A_2 : q^2\ A_2A_2.$$

Una vez obtenida la razón establecida por la ley H-W y demostrado que permanece invariable, supongamos que la nueva razón es $p_1 : q_1$. Tenemos entonces que $p_1 \equiv p^2+pq$ y $q_1 \equiv pq+q^2$ y por lo tanto, $p_1 : q_1 = p : q$. Por tanto, la ley H-W se verifica en una generación y obviamente seguirá verificándose en todas las siguientes. Concluida esta derivación, afirmo que ahora podemos ver claramente que, al menos ciertas partes de la Genética mendeliana, están axiomatizadas y que algunas leyes de la Genética —en concreto, la ley H-W— deben ser consideradas como leyes, tanto

por su posición dentro de un sistema axiomático, como por ciertas pruebas directas, que existen en su favor.

Finalmente señalemos en esta sección que aparentemente los genetistas parecen depender de principios-puente, cuando pasan del nivel genotípico al fenotípico (y al nivel de observación, cuando el fenotipo no es directamente observable), aunque admito que a menudo no afirman explícitamente estos principios. Un ejemplo del empleo de los mismos aparece en un estudio sobre los grupos sanguíneos de una muestra formada por 1.279 ingleses (Race y Sanger, 1954). La particular distribución de los grupos sanguíneos *M-N* que resultó de la muestra, se explicó por referencia a la ley H-W, pues las frecuencias fenotípicas observadas fueron:

M	*MN*	*N*
28,38	49,57	22,05

Si se hubiera verificado exactamente la ley H-W, estas frecuencias fenotípicas habrían sido:

M	*MN*	*N*
28,265	49,800	21,935

Las diferencias entre las frecuencias observadas y las previstas fueron consideradas insignificantes, dado que la muestra era relativamente pequeña (Race y Sanger, sin duda, señalaron, en la presentación de este estudio, que una concordancia tan estrecha entre la observación y la teoría, como la obtenida por ellos, sólo ocurriría una de cada diez veces).

Obviamente, en este caso los autores del estudio se apoyaban en ciertos principios-puente. Concretamente, suponían que, si una persona tenía sangre del tipo *M*, debía poseer el gene *M* y así sucesivamente. Utilizaban este principio para inferir a partir de las proporciones genotípicas de la ley H-W, las razones fenotípicas esperadas y reales. Además, estos autores explicitan, en efecto, los principios-puente que enlazan genotipo y fenotipo y (puesto que las características fenotípicas pertinentes no son directamente ob-

servables), anulan la distancia que existe entre el fenotipo y la observación. A propósito de los nexos entre genotipo y fenotipo escriben:

> Según la teoría, hay dos genes alelomorfos (alélicos) *M* y *N*; uno y otro determinan la presencia del antígeno correspondiente en los glóbulos rojos.

Genotipo	Fenotipo o Grupo
MM	*M*
MN	*MN*
NN	*N*

(Race y Sanger, 1954, 54)

Antes habían descrito pruebas de aglutinación para la detección de antígenos: «Se añade a una suspensión salina de glóbulos rojos un suero que contenga un anticuerpo conocido. Si los glóbulos poseen el antígeno correspondiente, se aglutinan; si no hay aglutinación, sacamos la conclusión de que carecen del antígeno» (Race y Sanger, 1954, 3). Por consiguiente, se utilizan principios-puente.

Es evidente que la exposición de una pequeña parte de la Genética mendeliana de poblaciones no puede probar definitivamente que el conjunto de la disciplina tenga forma axiomática; admito cabalmente que muchas partes de esta ciencia siguen un camino informal y poco riguroso. Pero, por ejemplo, lo mismo podríamos decir de muchas partes de la Física. Lo importante ahora es que, según parece, dado que en mi ejemplo no hay nada forzado, la obligación de probar que, a pesar de las apariencias, la Genética mendeliana de poblaciones no es un genuino sistema axiomático, recae por entero sobre los detractores de la Biología.

3.2. Selección natural

He dejado en mi programa una última tarea para esta parte del libro: considerar la naturaleza de la explicación genética mendeliana. Pero, antes de esto, será conveniente hacer una disgresión para discutir el tema más controvertible de la Biología, desde el punto de vista filosófico: la selección natural. Una vez discutido esto, podemos enriquecer la discusión filosófica con un ejemplo

bastante sofisticado de una explicación genética (e, incidentalmente, ampliaremos los conceptos y afirmaciones básicas de la Genética mendeliana de poblaciones).

Para introducir el concepto de selección, comenzaremos por mencionar el hecho de que la ley H-W se nos presenta a menudo como si fuera poco más que una trivialidad; en efecto, si no ocurre nada que perturbe a una población, entonces todo (es decir, la razón de genes) permanecerá igual. De hecho, esta ley no es más trivial de lo que podría serlo la primera ley de Newton sobre el movimiento: si no sucede nada que perturbe el estado de reposo o movimiento de un cuerpo, entonces todo permanecerá igual. Sin duda, la ley H-W parece importante para la Genética de poblaciones, por la misma razón que la primera ley de Newton parece serlo para la mecánica newtoniana. Adoptando esta ley, el newtoniano tiene una base firme para sus trabajos. Puede introducir factores de cambio, sabiendo que no los suprimirá un estado inestable preexistente. De una forma parecida, el genetista de poblaciones puede introducir factores que causen un cambio genético, en la confianza que la ley H-W garantiza una estabilidad de base.

El genetista de poblaciones —según parece— considera la *mutación* y la *selección,* como las dos causas principales del cambio genético. De la mutación hablamos ya, cuando vimos que, según se creía, este cambio se producía al azar, porque la causa del cambio no estaba en función de las necesidades del portador de genes. Sin embargo, afortunadamente, la mutación —según parece— es un proceso bastante regular; en concreto, parece que se podría cuantificar la razón de mutación de un gene a otro, de modo bastante poco problemático[1]. Por otro lado, lòs que no son especialistas en Biología, experimentan serias dificultades respecto a la selección natural, aunque la idea básica incorporada en el concepto de selección natural no sea muy compleja: ciertos organismos son más capaces que otros, en virtud de sus especiales características, de sobrevivir y reproducirse; existe, por tanto, entre los organismos, una «reproducción diferencial» cuya consecuencia es la transmisión de unos genes en mayor proporción que otros.

Sin embargo, los críticos de la selección natural arguyen que,

[1] La mutación se produce quizá fortuitamente en un segundo sentido por cuanto no podemos predecir cuándo mutará un gene concreto. Por lo tanto, nuestras predicciones deben referirse a grupos.

al establecer que algunos organismos (por definición, los más aptos) sobreviven (y probablemente se reproducen), puesto que la adaptación debe definirse en términos de supervivencia y reproducción, la selección natural se reduce a la (empíricamente) vacía tautología de que «aquellos que sobreviven (y se reproducen), son los que sobreviven (y se reproducen)». Aunque el número de críticos de este tipo es muy grande, mencionemos aquí únicamente tres. Manser arguye que la totalidad de la teoría evolucionista es sospechosa, principalmente porque se apoya en conceptos circulares, y escribe acerca de la selección natural: «no puede haber un criterio independiente para definir la aptitud o la adaptabilidad; la supervivencia y la adaptabilidad o aptitud están necesariamente ligadas» (Manser, 1965, 26). Por consiguiente, los asertos sobre la selección natural no pueden sobrepasar la analítica. Barker defiende la interpretación de Manser, escribiendo: «Lo que constituye la aptitud variará obviamente con las condiciones, ya que no podría darse ninguna característica singular o grupo de características empíricamente aislables, tales que el organismo que las poseyera, pudiera sobrevivir en cualquier circunstancia» (Barker, 1969, 274). Por ello, argumenta que la selección natural se nos presenta como una auténtica tautología, aunque piense, sin probarlo, que se trata de una tautología «significativa». E igualmente, Smart escribe: «Podemos decir que aun en la gran nebulosa de Andrómeda sobrevivirán los «más aptos», pero esto no quiere decir nada, puesto que el concepto de «los más aptos» debe definirse en términos de supervivencia» (Smart, 1963, 59).

Obviamente se trata de una acusación bastante seria, o al menos, los críticos así lo piensan. Toda teoría científica contiene algunas verdades *a-priori,* verdades matemáticas, por ejemplo, y algunas de las leyes científicas más conocidas están en el filo de la analítica, como la segunda ley del movimiento de Newton. Pero si una supuesta causa principal del cambio en la razón de los genes sólo es una vacua tautología, si hay una teoría, como la Genética mendeliana de poblaciones que, por un lado, utiliza extensivamente la noción de selección, y, por otro, pretende decirnos verdades significativas acerca del mundo, entonces Manser sólo puede concluir, haciendo una obra de caridad, que esta teoría nos presenta una «*imagen* del proceso» del cambio hereditario. Por consiguiente, nuestra tarea prioritaria es ahondar la cuestión de si la selección natural es tautológica o no lo es. Pero tan pronto como la aborde-

mos, una cosa se nos hará obvia: sean o no sean tautológicas ciertas formulaciones del principio de selección natural, los biólogos, al hablar de ésta, señalan ciertamente una posible manera, que no es trivial, de realizar el cambio genético. Para entender esto, supongamos dos grupos de igual número de organismos, cuyos miembros se cruzan dentro de cada grupo; los grupos están aislados reproductivamente uno de otro y de los demás grupos. Supongamos también que el primer grupo es homocigótico respecto del gene *A* y el segundo, homocigótico respecto del gene *B*, y que los portadores del gene *A* tienen el doble de potencia sexual que los portadores del gene *B* (por poseer el gene *A* y no el gene *B*). Supongamos como consecuencia, que los portadores del gene *B* sólo engendran un descendiente por progenitor, mientras que los portadores del gene *A* tienen dos. En una generación, los portadores de *A* excederían a los portadores de *B*, en proporción de 2 a 1. Esto es, la proporción entre los genes *A* y *B*, que, un tiempo, fue de 1 a 1, es ahora de 2 a 1. Esta es una conclusión claramente válida, aun cuando puedan existir otras causas que destruyan al azar a los miembros de las nuevas generaciones, con el resultado de que, en números absolutos, permanezca igual el tamaño combinado de los dos grupos.

Es claro que los biólogos no incurren en tautología, al afirmar (como lo hacen) que ocurren tales fenómenos. Por supuesto, las afirmaciones de uno podrían ser falsas, por cuanto pueda no encontrarse nunca en el mundo un fenómeno tal, o porque, de existir, pueda no tener significación biológica. Pero, por supuesto, éste es un riesgo que debe correr toda teoría científica. En otras palabras, según parece, al suponer la selección natural, en contra de las aseveraciones de los filósofos que acabamos de mencionar, los biólogos, como los físicos, están haciendo afirmaciones fácticas acerca del mundo.

Ahora nos preguntamos por qué muchos encuentran tanta dificultad con respecto al concepto de selección natural. Al menos, parte de la dificultad estriba en que, según mi opinión, el concepto es mucho más sutil de lo que casi todos reconocen. Al identificar casos de reproducción diferencial (como el que acabamos de discutir), los biólogos pretenden encontrar un método para identificar los diversos tipos de organismos implicados en el proceso de selección. Ahora bien, como lo señalan los críticos, los biólogos quieren *en cierto sentido* calificar de organismos «aptos» a aquellos

que tienen éxito. Más aún, como también lo anotan los críticos, finalmente la única forma de hacer esto es comparar los éxitos reproductivos de diferentes organismos. Pero es fácil ver que *no* se da, como afirman frecuentemente los críticos, una identificación clara de los organismos que sobreviven y se reproducen con aquellos que son aptos. Ningún biólogo se atrevería a negar que a menudo los que se reproducen son los organismos ineptos, mientras fallan los aptos. El mismo Darwin reconoció el hecho cuando, habiendo notado la gran cantidad de huevo y semillas que se destruyen en cada generación, escribió sobre su propio concepto de selección natural: «si no se hubieran destruido, muchos de estos huevos y semillas hubieran quizá producido individuos mejor adaptados a sus condiciones de vida que los que han sobrevivido» (Darwin, 1959 ed., 173). De modo semejante, los evolucionistas modernos conceden que, a su pesar, frecuentemente el animalejo más débil tiene más descendencia que el especimen privilegiado. Sin duda, una de las más interesantes afirmaciones de la Biología moderna es que, a veces, por el azar, los organismos con aptitudes menores obtienen mayor éxito (reproductivo) que los de mayores aptitudes, hasta tal punto que los portadores de genes más aptos serán eliminados del grupo. Esta afirmación sobre la «corriente genética» es muy controvertible, pero ni siquiera sus más severos detractores la califican de noción contradictoria, aunque debiera serlo, si la aptitud se hubiera identificado siempre directamente con el éxito reproductivo (Cf. Wright, 1931; Dobzhansky, 1970; Ford, 1964).

¿Cuál es, entonces, la relación total entre aptitud y éxito reproductivo? El estado de la cuestión parece ser el siguiente: los biólogos reconocen que, bajo ciertas circunstancias específicas, dada una población suficientemente grande, se reproducirá de hecho un cierto tipo de organismos en mayor proporción que otro, en virtud de las características particulares que posee (en parte conferidas por sus genes). Los biólogos llaman «los más aptos» a los que aventajan reproductivamente y dicen que éstos tienen más éxito en virtud de sus peculiares variaciones (que denominan «adaptaciones»). Ahora bien, debería señalarse aquí que ni siquiera se ha afirmado que *todos* los más aptos sean mejores reproductores; por el contrario, se asevera que, existiendo suficientes organismos, los más aptos son mejores reproductores en una proporción bastante alta, de modo que los miembros más aptos tienen, en conjunto,

una ventaja reproductiva. Por otra parte, esta afirmación es auténticamente analítica, pues define lo que significa «más apto»; es un tipo de definición estipulativa, verdadera por decreto. Pero habría que darse cuenta de que el biólogo no apoya sus afirmaciones empíricas en esta definición. Su afirmación básica, distinta de la aseveración sobre la existencia de una reproducción diferencial, podría muy bien ser falsa, pues afirma la presencia de una cierta constancia, según la cual, en un tipo dado de situación, unos organismos sobrevivirán y se reproducirán en proporción mayor que otros. Lógicamente podría suceder que en cierta situación, los portadores del genotipo A_1A_1 sobrevivieran y se reprodujeran con mayor éxito y, por lo tanto, fueran más aptos que los portadores del genotipo A_2A_2 y que, en idéntico tipo de situaciones, los portadores del genotipo A_2A_2 se reprodujeran y sobrevivieran con más éxito que los portadores del genotipo A_1A_1 y, por tanto, fueran más aptos. Si se sostiene esta clase de azar, el tratamiento que los biólogos dan a la selección natural cae entonces por su base, pues no acertaría a relacionar la aptitud dada en una situación con la dada en otras. Los biólogos argumentan que no todas las posibilidades lógicas se realizan, piensan que el éxito reproductivo es (en parte) una función de los caracteres fenotípicos, causados (en parte) por los genes, y afirman que, dada *cualquier* población del tipo P, suficientemente amplia y *cualquier* ambiente de tipo E, una cierta proporción fija de organismos (digamos p) con fenotipo de tipo A, producido por un genotipo de tipo x, sobrevivirá y se reproducirá según una razón específica. Los biólogos reivindican, como otros científicos, el derecho a generalizar de esta manera. Sin embargo, el hecho de que definan los organismos con más éxito en ciertos ambientes, como «más aptos» o «los más aptos», no añade nada a la naturaleza empírica de sus afirmaciones, porque podrían equivocarse al presuponer que estos organismos aptos (de un ambiente a otro) son todos del mismo tipo. Por consiguiente, aunque algunos como Manser tengan razón al pensar que aquí está implicado algo no empírico (es decir, una definición), no se han dado argumentos para afirmar que una teoría que implique la selección, sólo nos proporcione una imagen.

Nada de lo escrito pretende negar que en la práctica sea a menudo muy difícil decidir qué características definen la aptitud y dilucidar si diferentes ambientes son o no son parecidos en aspectos importantes. Problemas de esta naturaleza los considerare-

mos en un capítulo posterior, pero aquí nos ocupa una crítica teórica y mi réplica. Por las razones que acabo de dar, sugiero que, al apoyarse en el concepto de selección, los biólogos no rebajan de ninguna manera su resultado final respecto al de las ciencias físicas. Hecha esta conclusión, enfoquemos ahora la cuestión de la naturaleza de la explicación en la Genética de poblaciones. (Defiendo el concepto darwiniano de selección en contra de sus detractores en Ruse, 1971a.)

3.3. Explicación y Genética de poblaciones

La afirmación más famosa (o quizá más notoria) de los empiristas lógicos asevera que la explicación en las ciencias físicas se conforma, o debiera hacerlo, con el llamado «modelo de ley cubriente» de la explicación científica. Este modelo tiene dos requisitos esenciales, pues se argumenta que para «explicar» algo, aclararlo en cierta manera o arrojar alguna luz acerca de ello, se debe mostrar cómo debía suceder ese algo, dadas las características del mundo, especialmente la forma en que éste se mueve siguiendo ciertas trayectorias regulares. De aquí —se afirma en primer lugar— que una adecuada explicación debe hacer referencia al menos a una ley de la naturaleza, la ley explicativa (el «*explanans*»), y —se asevera en segundo lugar— debe haber un nexo fuerte entre el *explanans* y lo que se está explicando (el «*explanandum*»). ¿Qué exactamente, en este contexto, constituye un «nexo fuerte»? Esto ha sido materia de cierto debate. Muchos autores (por ejemplo, Brodbeck, 1962) opinan al respecto que (un enunciado sobre) el *explanandum* debe ser una consecuencia *deductiva* de (enunciados sobre) el *explanans*; sin embargo, otros autores (por ejemplo, Hempel, 1965) creen que sería suficiente un nexo *inductivo* entre *explanans* y *explanandum*, tal que el primero haga al segundo «muy probable». Aunque esta disputa es importante, el limitado espacio de que dispongo me impide analizar el problema con cierta profundidad. Por ello, normalmente sólo me referiré directamente a la necesidad de que el *explanandum* se «deduzca» del *explanans*. Hablando sinceramente, puesto que todo modelo de ley cubriente exige al menos que el *explanans* haga muy probable al *explanandum*, no creo que en este caso mi poco miramiento hacia un delicado problema filosófico sea un crimen atroz, ni que mi acción cambie significativamente las conclusiones que quiero sacar acerca de la Biología.

Reconozco, sin embargo, que estoy evitando un problema real; pero ni mi silencio ni mi terminología deberían tomarse como indicio de mi posición personal acerca de la solución adecuada.

Simbólicamente, el *esquema* de ley cubriente puede disponerse como sigue:

$$\begin{array}{ll} C_1, C_2, \ldots, C_m & \text{enunciados del } \textit{explanans} \\ L_1, L_2, \ldots, L_n & \\ \hline E & \text{enunciado del } \textit{explanandum} \end{array}$$

En el *explanans*[2], la L representa leyes y debe tener al menos una. La C representa enunciados acerca de las condiciones iniciales, pero debe señalarse que, aunque la C se presentará si la explicación se refiere a un fenómeno o suceso *particular*, podría darse una explicación sin C en el *explanans*, que se obtendría cuando el *explanandum* sea en sí mismo una ley. En un caso así podría demostrarse cómo poner en forma axiomática parte de una teoría. Por esta razón, me parece muy extraño que alguien afirmara que cierta teoría científica es axiomática o puede ser axiomatizada y, sin embargo, aseverara que ninguna de las explicaciones acerca de la materia objeto de esa teoría es o podría ser una explicación basada en leyes cubrientes. Como confirmación de este punto puede verse sin discusión que la derivación de la ley H-W expuesta anteriormente para apoyar mi afirmación de que la Genética de poblaciones es axiomática, parece servir también de base a la afirmación de que la Genética de poblaciones da explicaciones (en este caso de la ley H-W) que encajan en el modelo de ley cubriente. (Todos los defensores del modelo de ley cubriente parecen estar de acuerdo en que las explicaciones de las leyes implican inferencias deductivas, aunque, como veremos en el capítulo 10, esto supone a veces una visión de la ciencia algo idealizada).

No será, sin embargo, redundante el proveer de otra explicación de la Genética de poblaciones que encaja en el modelo, pues, gracias a ella, podrá demostrarse la debilidad de la afirmación de un filósofo que intentara clavar una cuña entre la Biología y las ciencias físicas. Obviamente un crítico de la Biología como Smart, que niega la existencia de toda ley en Biología, tampoco

[2] De ahora en adelante, prescindiré de la diferencia entre el *explanans* o el *explanandum* y los enunciados que a ellos se refieren.

admitiría que la Genética de poblaciones pudiera contener explicaciones basadas en leyes cubrientes. Pero al menos otro filósofo que se ocupa de la Biología, mucho más favorablemente dispuesto hacia ella que Smart y que incluso aceptaría que la Biología posee leyes, niega que el modelo de ley cubriente sea el modelo apropiado para las explicaciones de la parte de la Biología que estamos considerando. En *The Ascent of Life,* Goudge argumenta que en estas explicaciones las leyes sirven como «elementos de sistemas probatorios que hacen inteligibles o racionalmente posibles a los *explicanda* [esto es, *explananda*]... Constituyen bases probatorias para lo que se debe explicar. La situación puede compararse con un crucigrama parcialmente terminado en el que se entrecruzan varias palabras iniciadas apoyándose mutuamente» (Goudge, 1961, 123-4). Goudge llega incluso a decir que «el resultado puede ser virtualmente concluyente y no dar lugar a soluciones alternativas» (Goudge, 1961, 124) pero no deja de percibir que el modelo de explicación encontrado en las ciencias físicas no es el que debe hallarse en esta parte de la Biología, y afirma que «un crucigrama es un modelo más adecuado» (Goudge, 1961, 124).

Contra estas afirmaciones de Goudge presento el siguiente fenómeno que, en mi opinión, da una explicación de tipo idéntico a las que deben encontrarse en las ciencias físicas, basada en una ley cubriente.

En ciertas partes de Africa hasta un 5 por ciento de la población muere en la infancia o en la temprana niñez a consecuencia de una forma hereditaria de anemia (anemia «falciforme»). Ya que, como es sabido, la anemia aguda aparece en los homocigotos de un gene particular, debe señalarse el hecho de que hasta un 40 por ciento de los miembros de las poblaciones afectadas, son heterocigotos respecto a ese gene, que portan aparentemente de forma recesiva. Dado que el gene sufre una presión contraria y fuerte y también que es demasiado común para ser únicamente el resultado de una mutación, es muy extraño tanto que el gene esté tan extendido, como que sea tan persistente.

La explicación de la magnitud de la anemia falciforme se conoce en la actualidad: las poblaciones que tienen el gene de células falciformes en altas proporciones, son justamente las que viven en las regiones de Africa donde es endémico cierto parásito de la malaria. Por otra parte, el gene de células falciformes no es enteramente recesivo, pues muestra sin duda sus efectos en el

heterocigoto proporcionándole una inmunidad contra la malaria, que no posee el homocigoto del gene normal. Así, la selección en favor del heterocigoto de células falciformes «equilibra» la severa selección en contra del homocigoto de células falciformes de tal modo que el gene permanece en la población. Pero podría preguntarse cómo puede ocurrir esto. La selección del homocigoto de células falciformes es mucho más severa que la selección en favor del heterocigoto (superior a la del homocigoto normal). Después de todo, de ningún modo mueren de malaria todos los homocigotos del gene normal. En este punto interviene la Genética de poblaciones para completar la explicación de este caso de polimorfismo equilibrado (es decir, de la existencia y persistencia de varias formas morfológicas (fenotípicas) en la misma población). Los pasos matemáticos necesarios son breves y simples; por tanto, sigámoslos con detalle.

Supongamos una población con dos tipos de gene (en un locus), como en el caso anterior. Supongamos que inicialmente la fracción de un tipo de gene en la población (digamos A_1) es q y que, por lo tanto, la fracción del otro tipo (A_2) es $1-q$. Supongamos también que la población se ha estado apareando al azar y que, por consiguiente, los genotipos están distribuidos según la ley H-W (esto es, hay q^2 de homocigotos A_1A_1, $2q(1-q)$ de A_1A_2 y $(1-q)^2$ de A_2A_2). Supongamos ahora que la población presenta otra de las características encontradas en el caso anterior: el heterocigoto es más apto que cualquier homocigoto. Podemos cuantificar esta suposición admitiendo que por cada A_1A_2 que sobrevive (para reproducirse), morirán (sin reproducirse) una proporción S_1 de los A_1A_1 y S_2 de los A_2A_2. Por la ley H-W, podemos calcular ahora las proporciones de genotipos cuya aparición es probable después de que estas presiones selectivas hayan actuado durante una generación. Para mayor claridad podemos presentar el cuadro siguiente:

Genotipo	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Población total
Valor adaptativo	$1-S_1$	1	$1-S_2$	
Frecuencia inicial	q^2	$2q(1-q)$	$(1-q)^2$	1
Frecuencia después de la selección	$q^2(1-S_1)$	$2q(1-q)$	$1-q)^2(1-S_2$	$1-S_1q^2-S_2(1-q)^2$

Esto significa que la razón de cambio (Δq) de la frecuencia de los genes A_1 de la población durante una generación es:

$$\Delta q = \frac{q(1-q)[S_2(1-q) - S_1 q]}{1 - S_1 q^2 - S_2(1-q)^2}$$

Enseguida recordemos que, en el tipo de situación descrita más arriba, el polimorfismo está equilibrado y, por lo tanto, es igual a cero. Despejando, pues, q, llegamos a

$$q = S_2/(S_1 + S_2).$$

Finalmente, presentamos algunas intensidades reales de las diferentes selecciones. Notemos que no hay ninguna tautología en estas suposiciones acerca de las intensidades y del mantenimiento de éstas de generación en generación, que criticarían los detractores de la selección. Sin duda, estas suposiciones tienen tantas implicaciones empíricas, que me tomaré la libertad de utilizar números redondos para que aparezcan más claramente las inferencias, admitidos desde luego, los límites de error respecto a los casos reales. (Son cifras utilizadas por Livingstone, 1971). Supongamos, para simplificar, que, en el caso de la anemia falciforme, todos los homocigotos de células falciformes mueren sin reproducirse. Por consiguiente, respecto de los heterocigotos, ninguno se reproduce; para éstos, por tanto, $S_2 = 1$ (es decir, $1 - S_2 = 0$). Supongamos también que en determinada población, se reproducen tres homocigotos de genes normales por cada cuatro heterocigotos; el resto muere de malaria. Esto significa que $S_1 = \frac{1}{4}$; por tanto, si A_1 es el gene normal y A_2 es el gene de células falciformes,

$$q = \frac{1}{\frac{1}{4} + 1} = \frac{4}{5}$$

Quiere decir que en *toda generación,* $\frac{4}{5}$ de los genes serán A_1 y $\frac{1}{5}$ será A_2, aun cuando el gene A_2 mate a sus homocigotos antes de reproducirse. Más aún, *en toda generación,* los portadores de genes se distribuirán de la siguiente forma:

A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
$\frac{4^2}{5}$	$2 \cdot \frac{4}{5} \cdot \left(1 - \frac{4}{5}\right)$	$\left(1 - \frac{4}{5}\right)^2$

Ello significa que por cada cien miembros de la población, aproximadamente 64 serán homocigotos A_1A_1, 32 serán heterocigotos A_1A_2 y 4 serán homocigotos A_2A_2 que morirán sin reproducirse. Esta situación continuará indefinidamente hasta que sobrevenga algún cambio.

Tenemos ahora una completa explicación de la persistencia del fenómeno de la anemia falciforme, aunque he utilizado números redondos en mi exposición, que caen dentro de los límites admitidos para los casos reales (Cf. Raper, 1960, Livingtone, 1967, 1971). Más aún, repito que, como he afirmado, tenemos ante nosotros un ejemplo de explicación basada en una ley cubriente acerca de un fenómeno particular. El *explanandum* es la forma en que persiste de generación en generación el gene de células falciformes, que causa la muerte por anemia a cierto número de niños de cada generación (proporción que en mi ejemplo resulta del 4 por ciento). El *explanans* contiene leyes, particularmente la ley H-W, que se enuncian acerca de condiciones concretas (por ejemplo, el cambio en la razón de los genes es cero) y acerca de los valores concretos de las presiones selectivas en contra de los homocigotos; de éstas se sigue el enunciado acerca del *explanandum*. En breves palabras, sugiero que, concediendo que esta explicación sea típica de la Genética de poblaciones (y no veo razón para dudarlo), parecería conveniente concluir que las explicaciones de la Genética de poblaciones tienen la misma forma que las de las ciencias físicas. En contra de la opinión de Goudge, no es necesario inventar un modelo nuevo —el modelo «crucigrama» de explicación científica— para dar cuenta de las explicaciones en esta parte de la Biología.

Con esto concluye por ahora mi interés exclusivo por la Genética. Admito que han tenido que darse por supuestos muchos casos, pero creo que se ha demostrado que muchas de las afirmaciones acerca de las ciencias físicas tienen una verdad correspondiente en la Genética mendeliana. Dicho esto, concentraré mi atención en la teoría evolucionista, área de la Biología sujeta a mayores controversias.

Capítulo 4

LA TEORIA DE LA EVOLUCION

I LA ESTRUCTURA

El lector con algunos conocimientos sobre la moderna teoría evolucionista podrá sentirse en este momento algo desorientado, por no decir, irritado. Sabrá, para decirlo brevemente, que la moderna teoría de la evolución consiste simplemente en el desarrollo de la afirmación según la cual los organismos no emergieron simplemente a la existencia, sino que son el resultado de un largo y relativamente lento proceso de selección natural que actúa sobre las variaciones hereditarias que constantemente aparecen al azar. Ahora bien, tal lector podría señalar con justicia que esto es sospechosamente parecido a la teoría que acabamos de considerar bajo el nombre de «Genética de poblaciones». ¿Qué lugar ocupa, entonces, la teoría evolucionista? ¿La Genética de poblaciones es sólo otro nombre de la misma teoría que entonces ya habríamos estudiado? ¿O se trata de dos cosas distintas? O si esto es así y suponemos que la teoría evolucionista se refiere de hecho a la selección, etc., ¿cómo explicaríamos que la Genética de poblaciones y la teoría evolucionista parezcan tener tantos conceptos en común?

Es bastante comprensible que el lector se encuentre despistado en este punto; sin embargo, sugiero que ninguna de las alternativas mencionadas va por buen camino. Para encontrar la postura correcta acerca de la naturaleza de la moderna teoría evolucionista (y

de su relación con la Genética de poblaciones), hay que entender que el moderno pensamiento evolucionista considera como básica la afirmación de que las respuestas a las cuestiones sobre los cambios evolutivos a gran escala deben encontrarse en nuestros conocimientos de los cambios evolutivos a pequeña escala, que, por ser tan pequeños, normalmente no serían calificados de «evolutivos». Los modernos biólogos opinan que el mundo orgánico que vemos a nuestro alrededor (y del que somos parte), es en efecto, el resultado de un lento y gradual proceso evolutivo, y que, sin embargo, el proceso que origina los grandes cambios no es más que el efecto acumulado a largo plazo de los procesos que producen los cambios hereditarios más pequeños. Ahora bien, puesto que la Genética de poblaciones es la ciencia que estudia estos pequeños cambios, podemos, en consecuencia, ponderar su importancia en el estudio de los grandes cambios —estudio llamado «teoría evolucionista». *La Genética de poblaciones es presupuesto de todos los demás estudios evolucionistas.*

Consideremos este punto con mayor detalle. Como podremos ver en éste y en sucesivos capítulos, muchas (si no la mayor parte) de las concepciones falsas sobre la teoría evolucionista nacen de no reconocer la importancia fundamental que la Genética de poblaciones tiene para el pensamiento evolucionista. (*Loci classici* sobre la teoría evolucionista son los trabajos de Dobzhansky, 1937, 3.ª ed. 1951, revisados y vueltos a titular en 1970; Simpson, 1953; Mayr, 1942, 1963; Stebbins, 1950.)

4.1. La estructura de la teoría de la evolución

Muchas y diversas áreas de estudio caen bajo lo que se denomina en sentido amplio «estudios evolucionistas»: la *Sistemática,* estudio de la distribución de los organismos y de las razones por las que se incluyen en un determinado grupo; la *Morfología,* estudio de los diferentes tipos de características que poseen los organismos y de la teorización de las razones de estas características; la *Embriología,* estudio del desarrollo de los organismos. También, por supuesto, la *Paleontología,* ciencia que estudia los organismos fósiles muertos hace mucho tiempo. Además de éstas, hay muchas otras áreas. Todas estas disciplinas poseen afirmaciones factuales peculiares: por ejemplo, la Embriología se basa parcialmente en afirmacio-

nes referentes a las necesidades del embrión y a los factores particulares que influyen en el crecimiento. Muchas disciplinas también toman prestadas especialmente conclusiones provenientes de otras áreas, que utilizan como presupuestos no probados. Por ejemplo, los paleontólogos se apoyarán en el trabajo de los morfólogos para inferir que determinadas estructuras fósiles representan características que cumplían ciertas funciones para sus poseedores. Ahora bien, sugiero que todas las diferentes disciplinas están unificadas por cuanto presuponen un conocimiento básico de la Genética, en particular de la Genética de poblaciones. El conocimiento desarrollado por el genetista de poblaciones acerca de la transmisión de las características hereditarias de una generación de cierta población a la siguiente, lo dan por supuesto y lo citan todos los evolucionistas, incluso (más aún especialmente) aquellos que, como los paleontólogos, estudian los cambios hereditarios más grandes de los peces a los reptiles y de éstos a los mamíferos y a las aves.

La figura 4.1. aclarará quizá un poco más la estructura de la teoría evolucionista que estoy suponiendo:

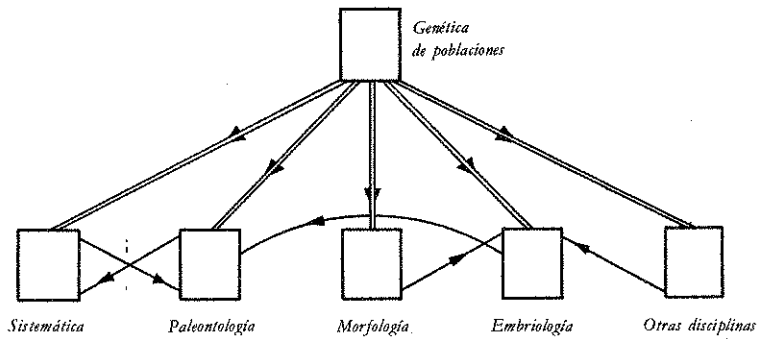

Figura 4.1.

(En esta figura, los rectángulos representan diversas disciplinas; la línea doble, los nexos —que se suponen realmente existentes— entre la Genética de poblaciones y otras áreas; la línea sencilla, los nexos entre las disciplinas auxiliares. Aunque estos nexos existen, los mostrados en la figura son meramente ilustrativos y no denotan necesariamente casos concretos.)

Dado el enfoque adoptado hasta ahora en este libro, la cuestión que obviamente se nos presenta es la siguiente: ¿en qué aspectos la teoría evolucionista (concebida en la forma antedicha) se asemeja

a la Física y a la Química? La respuesta es que la teoría evolucionista tiene como núcleo la Genética de poblaciones y, en virtud de ello, participa de muchas de las características de las ciencias físicas. La parte más vital de la teoría está axiomatizada; por lo tanto, y aunque sólo fuese por este hecho, la teoría se refiere tanto a entidades teóricas (no observables, etc.), como a entidades no teóricas (observables, etc.); existen asimismo principios-puente, etc. Sin embargo, una vez dicho esto, no puede negarse que la *totalidad* de la teoría no posee la perfección deductiva que, por ejemplo, tiene la Mecánica newtoniana. Por muchos factores —la novedad de la teoría, la pérdida irremisible de muchos elementos de información pertinentes, la increíble magnitud y complejidad de los problemas, etc.—, muchas partes de la teoría evolucionista están sólo esbozadas. En lugar de nexos fuertes entre los diversos niveles formulados explícitamente, se encuentran sugerencias, hipótesis, inferencias inductivas extremadamente débiles y, frecuentemente, meras conjeturas. De aquí que, en el mejor de los casos, pueda decirse que los evolucionistas tienen en cierto sentido el modelo hipotético-deductivo como ideal, pero que están lejos de haberlo alcanzado realmente.

Por supuesto, enseguida aparece la pregunta de en qué sentido preciso puede decirse que los evolucionistas tienen el modelo hipotético-deductivo como «ideal». Espero aclarar bastante, en éste capítulo y en el siguiente, el empleo de este término; pero, por ahora, como aclaración preliminar, obsérvese que no afirmaré que los evolucionistas dejen o deban dejar de lado todas las otras consideraciones para buscar una teoría deductiva lógicamente rigurosa. (Por esta razón, me falta tiempo para estudiar la escuela woodgeriana, que, «por encima de todo, axiomatiza»; uno de sus seguidores típicos es Williams (1970), ¡qué sólo puede axiomatizar con éxito la teoría evolucionista, evitando toda mención a la Genética!) Afirmaré por el contrario que no encuentro suficientes razones teóricas que impidan una teoría evolucionista deductiva, que la historia de la teoría evolucionista parece apuntar a una ejemplificación cada vez mayor del ideal axiomático y, lo más importante (que desarrollaré en el capítulo 5), que no sólo parecen gravemente débiles las propuestas adelantadas como alternativas a la idea de que los argumentos sean esbozos deductivos (o quizá esbozos fuertemente inductivos), sino que la única forma plausible de remediar esta debilidad va por el rumbo de argumentos deducti-

vos completos, como realización final de los estudios evolucionistas.

Sin embargo, antes de explorar estas cuestiones con mayor detalle será conveniente examinar otros aspectos de mi forma de caracterizar la teoría evolucionista, ya que, como hemos visto, mi afirmación no es meramente que el modelo hipotético-deductivo sea importante como ideal de la teoría evolucionista, sino también que ésta es una teoría *unificada* cuyo *núcleo* supuesto es la Genética de poblaciones. Puesto que uno de los escritores filosóficos más inteligentes y mejor informados en Biología, Beckner, ha presentado una concepción de la teoría evolucionista que difiere de la mía (específicamente respecto a mis últimas afirmaciones), se clarificará mucho la teoría evolucionista, examinando nuestros puntos de vista contrapuestos. Por lo tanto, para terminar con esta sección, me ocuparé brevemente del análisis contrario de Beckner. Después, en las dos siguientes secciones, compararé mi análisis con el suyo y, al hacerlo, espero no refutarle meramente, sino también ilustrar con mayor detalle algunas de mis afirmaciones sobre la teoría. Finalmente, para acabar el capítulo, consideraré tres argumentos de Goudge que pretenden demostrar que el ideal axiomático deductivo es inapropiado para la teoría evolucionista. Como ya he dicho, algunas de las cuestiones realmente difíciles sobre la adecuación o no adecuación (en cierto sentido) del ideal deductivo para los estudios evolucionistas, serán el objeto del capítulo siguiente.

Escribe Beckner acerca de la teoría evolucionista: (...) si buscamos en la teoría evolucionista el modelo de explicación teórica ejemplificado en el paradigma de la formación de una teoría —la explicación de Newton sobre las leyes de Galileo y Kepler—, nos decepcionaremos. La teoría de la evolución no alcanza sus fines demostrando, por ejemplo, que los principios de Williston y Bergmann son consecuencias de una o varias hipótesis de mayor generalidad. Hay cierto número de tales pequeñas jerarquías, dispersas en la teoría de la evolución, pero la teoría, en su totalidad, no se acerca a este tipo de organización. Es imposible ser dogmático en este punto, pero parece cierto que este hecho no se debe al subdesarrollo de la Biología, sino a la naturaleza de la materia que es objeto de la Biología.

Yo opino que la teoría de la evolución está formada por una familia de modelos relacionados, que la mayor parte de las explicaciones evolucionistas se basan en supuestos que, en el caso concreto, no están totalmente confirmados, aunque los diversos modelos de la teoría se proporcionan un apoyo probatorio mutuo. Las hipótesis y supuestos auxiliares hechos respecto a las explicaciones concretas en un modelo, se repiten una y otra vez en otros modelos relacionados

con el primero, con o sin modificación y adaptación local. Utilizando la metáfora de Agnes Arber, la teoría biológica es menos «lineal» y más «reticulada» que, por ejemplo, la teoría física (Beckner, 1959, 159-60).

Si se tuviera que hacer un esquema de la forma en que Beckner ve la teoría evolucionista, nos encontraríamos con algo parecido a la figura 4.2.

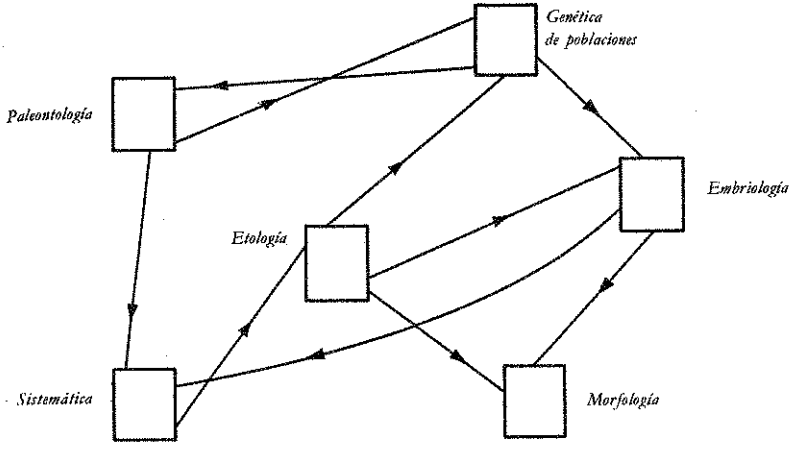

Figura 4.2.

(No se ha intentado una representación completa; todas las flechas son meramente ilustrativas.)

Ahora aparece claramente que no será tarea especialmente fácil decidir entre mi forma de ver la teoría evolucionista y la de Beckner. Omitiendo cualquier otro aspecto, las dos visiones coinciden bastante, pues ambos reconocemos que, aunque hay partes formales, gran parte de la teoría es difusa y meramente sugerente. Sin embargo, en mi opinión, pueden darse argumentos para probar que mi caracterización de la teoría evolucionista, que otorga un papel especial a la Genética de poblaciones, es mejor que la de Beckner. Presentaré aquí dos argumentos: el primero será un análisis de un tipo de explicación dado en cierta área de los estudios evolucionistas, con ayuda de la teoría evolucionista. Mostraré el papel y la importancia de la Genética de poblaciones en esta explicación y me apoyaré en ello para probar mi punto de vista. Beckner concede que enunciados como la ley H-W aflojan en

las explicaciones evolucionistas e incluso admite el gran valor de la Genética de poblaciones; pero esto le parece resultado de una mera casualidad o, al menos algo que no se opone a su caracterización de la teoría expuesta más arriba, pues ésta *no* sitúa deliberadamente ningún área de los estudios evolucionistas en posición privilegiada, por encima de todas las demás. Mediante mi ejemplo, trataré de demostrar la excelencia de considerar la existencia de leyes, como la ley H-W, como indicios de aspectos fundamentales de la teoría evolucionista. Mi segundo argumento implicará una discusión sobre la única razón positiva de Beckner en favor de su punto de vista, a saber, la supuesta falta de conexión de las leyes evolucionistas con la parte principal de la teoría. Argüiré también aquí que mi análisis de la teoría es más satisfactorio.

4.2. Un ejemplo de explicación evolucionista

El ejemplo que quiero considerar procede de la Sistemática, estudio de la naturaleza y distribución de los grupos de animales y plantas. (Hablando estrictamente, daré una serie de ejemplos, pues, aunque me referiré a la «explicación», mi ilustración estará formada, de hecho, por una serie de aspectos íntimamente relacionados, iluminados por la teoría evolucionista.) El tipo concreto de fenómeno que quiero analizar y alrededor del cual gira mi ejemplo de una explicación evolucionista, es la distribución de organismos en las islas situadas a cierta distancia de las costas continentales, pues, a mi parecer, es un caso que requiere explicación. Los organismos que viven en estas islas son a menudo parecidos a los del continente, pero no absolutamente idénticos. Por otra parte, como en las islas hay frecuentemente dos o tres especies de un género particular de organismos, tenemos otra vez organismos parecidos a otros (y a los del continente), pero no idénticos. Además, los organismos que presentan este tipo de parecido suelen ser aves, reptiles o insectos. Las islas oceánicas rara vez están habitadas por mamíferos, que, cuando existen, suelen ser muy diferentes a los del continente. El ejemplo más famoso de este tipo de fenómenos es el de los pinzones de Darwin *(Geospizinae)*, una subfamilia de los pinzones *(Fringillidae)*. Estos pinzones se agrupan en cuatro géneros y catorce especies y viven en el Archipié-

lago de las Galápagos, grupo de islas del Pacífico, situado a unas 600 millas al oeste del Ecuador. Como es bien sabido, el reconocimiento de la existencia de tantas formas diferentes de un mismo tipo de ave, en un territorio tan pequeño, fue uno de los principales factores que impulsaron las investigaciones de Darwin y le condujeron al descubrimiento de la teoría de la evolución.

La explicación de los evolucionistas de éste y otros fenómenos semejantes es la siguiente: arguyen primero que en estos casos, el parecido orgánico presupone la existencia, en el continente, de un grupo ancestral de organismos del cual descienden tanto las poblaciones actuales de las islas como las del continente. En segundo lugar afirman que el paso del continente a las islas y de una isla a otra, se ha hecho poco frecuente (por la existencia de barreras naturales como los vientos), pero que, si se produjera otra vez, los individuos recién llegados evolucionarían hacia nuevas especies parecidas, pero distintas de las que existían anteriormente. Sostienen, en tercer lugar, que los tipos de organismos que se asentarían en las islas, serían obviamente los que tengan alguna probabilidad de llegar a ellas. Los pájaros, por ejemplo, tienen tal probabilidad de llegar, empujados por el viento. Por el contrario, los animales terrestres grandes tienen poca o ninguna probabilidad de atravesar extensiones de agua relativamente grandes.

Para ilustrar una explicación como ésta, es interesante considerar la que da David Lack en su monografía *Los pinzones de Darwin.* Lack estudia las barreras que forma el agua entre las islas del archipiélago e indica que los pájaros son a menudo reacios a cruzar extensiones de agua, aunque fisiológicamente estén capacitados para hacerlo. También trata de demostrar que los pinzones fueron capaces de evolucionar en tan alto grado, porque en las islas no existen otras aves que puedan hacerles competencia. Lack señala igualmente que el grado de especialización parece función directa del relativo aislamiento, en el grupo de islas, de aquéllas en las que aparecen poblaciones de estas aves. En efecto, las islas moderadamente aisladas tienen menor proporción de formas peculiares que las más aisladas y mayor proporción que las islas centrales del archipiélago. La figura 4.3 presenta el porcentaje de formas endémicas de pinzones de Darwin en cada isla y muestra claramente el efecto del aislamiento. Lack añade que, desde el punto de vista de las aves, las islas Charles, Chatham y Hood están más aisladas de lo que el mapa pudiera sugerir, ya que los vientos

alisios soplan del sur y del sureste y hacen relativamente difícil la dispersión de los pájaros.

Sin embargo, aunque sea muy clarificador leer las discusiones de los evolucionistas acerca de fenómenos semejantes al de los pinzones de Darwin, pronto se hace obvio que, a su parecer, razones como las expuestas proporcionan sólo una explicación parcial de las peculiaridades de los organismos de las islas. Los evolucionistas sólo quieren demostrar por qué los grupos de organismos, aislados de su grupo ancestral en el continente, pueden evolucionar en nuevas especies. ¿Por qué, por ejemplo, son capaces de evolucionar los primeros organismos que llegan a una isla cuyas condiciones de vida son nuevas para ellos? En este punto, adquieren capital importancia las consideraciones genéticas; debe señalarse que los evolucionistas lo establecen así explícitamente. Dobzhansky, por ejemplo, escribe al inicio de su importante trabajo *Genetics and the Origin of Species* [*La Genética y el origen de las especies*]:

> La evolución es un cambio en la composición genética de las poblaciones. El estudio de los mecanismos evolutivos pertenece al campo de la Genética de poblaciones. Por supuesto, los cambios observados en las poblaciones pueden tener diferentes magnitudes. Sin embargo, la experiencia muestra que, si bien no hay otra manera de entender los mecanismos de los cambios macroevolutivos (que requieren tiempo a escala geológica), sí se pueden entender los procesos microevolutivos observables en un tiempo de escala similar a una vida humana y a menudo controlados por el hombre y aun eventualmente reproducidos en el laboratorio (Dobzhansky, 1951, 16).

En el caso de las especies de las islas, este recurso a la Genética de poblaciones podría trasladarse a la práctica, básicamente, comprendiendo que bajo muy diversas condiciones, prevalecientes en las islas (opuestas a las del continente), las poblaciones fundadoras estarán sujetas a severas fuerzas selectivas, bastante diferentes de las que soportan los organismos paternos del continente. En otras palabras, dentro de los grupos de islas, habrá una reproducción diferencial, pero, dado que las condiciones difieren de las continentales (en el caso de los pinzones de Darwin, una de las diferencias fundamentales en las condiciones del medio ambiente es la ausencia de pájaros competidores en el archipiélago), la aptitud de los organismos de las islas se basa en características fenotípicas que no son necesariamente las mismas que hacen aptos a los organismos continentales. Como hemos visto en los dos últimos capítulos, estas características fenotípicas pueden correlacionarse, al parecer,

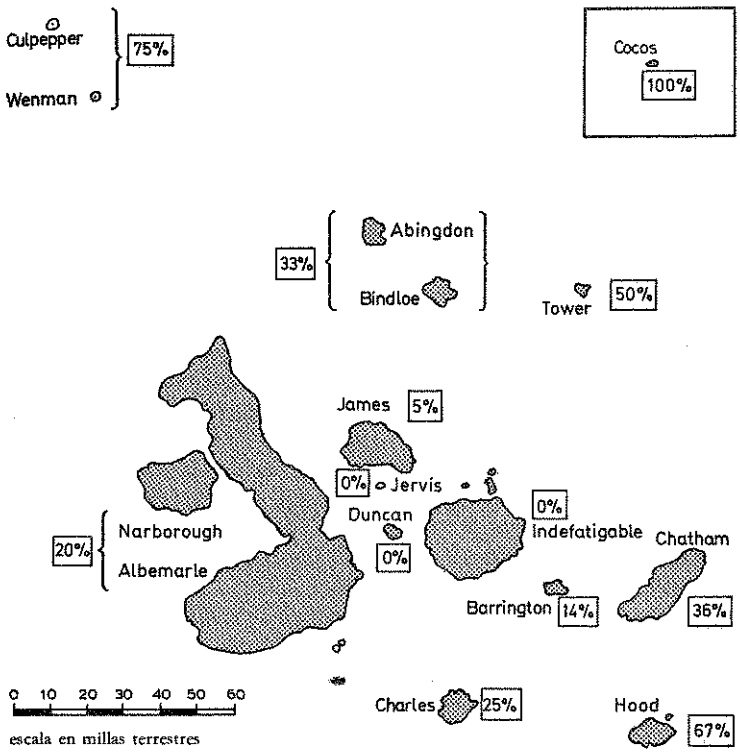

Figura 4.3

Porcentaje de formas endémicas de pinzones de Darwin en cada isla que demuestra el efecto del aislamiento. (Tomado de Lack, *Darwin's Finches (Los pinzones de Darwin)*, Cambridge, University Press.)

de cierta manera con los genotipos para llegar así, mediante la selección (y nuevas mutaciones), a una divergencia entre las poblaciones de las islas y del continente.

Pero obsérvese que al suponer esta divergencia, aun suponiendo una correlación (mediante principios-puente) entre genotipo y fenotipo, se requieren todavía los asertos de las leyes de Mendel. Por ello, si no se sostienen estas leyes y no son punto de partida para los evolucionistas, no habría entonces ninguna razón para concluir que aun las más severas fuerzas selectivas dejaran su marca en futuras generaciones. Si, por ejemplo, los genes se mezclaran de cierta forma en cada generación (y esto se reflejara en

la combinación de características fenotípicas), no podría entonces garantizarse que esta característica sería seleccionada para el futuro, aunque se probara que tal característica fenotípica era ventajosa. Con la mezcla, aun la más ventajosa característica fenotípica nueva reduciría, en una generación, su efectividad a la mitad y en pocas generaciones, se mezclaría hasta desaparecer prácticamente, a menos que se supongan unas proporciones de mutación masiva que contrarrestaran los efectos de la mezcla. Pero se sabe que estas razones de mutación no se dan. Por tanto, podemos en verdad decir que únicamente por el conocimiento de la Genética mendeliana, especialmente de la Genética mendeliana de poblaciones, los biólogos pueden estar seguros de que las fuerzas selectivas de las islas tendrán consecuencias evolutivas. Por consiguiente, no en vano ha escrito Dobzhansky que la ley H-W «es el fundamento de la Genética de poblaciones y de la moderna teoría evolucionista» (1953, 53). Sin ésta y otras leyes semejantes, las explicaciones evolucionistas quedarían aniquiladas [1].

Por supuesto, la aplicación real, si se pretende cierta precisión, de los resultados de los estudios teóricos de Genética de poblaciones a cambios evolutivos en gran escala es increíblemente difícil, porque se halla implicada una gran cantidad de factores desconocidos. ¡Por tanto, es necesaria esta discusión filosófica! Ahora bien, algunos resultados como los obtenidos con los pinzones de Darwin, se apoyan directamente en tales cambios. Por ejemplo, puede demostrarse que si se tuviera un gene en una de las poblaciones fundadoras de pinzones que, aunque recesivo, produjera un fenotipo (en sus homocigotos) que no tuviera probabilidad de sobrevivir y reproducirse en el nuevo ambiente, el número de generaciones (t) necesario para que se redujera la frecuencia del gene de q a q_t se obtiene por la ecuación siguiente (derivada en parte de la ley H-W):

$$t = \frac{1}{q_t} - \frac{1}{q_0}$$

[1] No estoy alegando aquí que necesariamente (lógicamente) los evolucionistas deban utilizar las leyes de Mendel, pues, dado lo que ocurrió con el status de la Mecánica newtoniana en el siglo pasado, sería temerario afirmarlo. Simplemente, estoy arguyendo que, si los evolucionistas quieren explicar, deben utilizar leyes de la Genética y que, para aquellos que acepten la teoría sintética, éstas (con las especificaciones que se harán en capítulos posteriores) empiezan con las leyes de Mendel.

En otras palabras, aun cuando la frecuencia inicial del gene fuera de 0,5. que es muy elevada, sería prácticamente eliminada de la población en unas mil generaciones. Obviamente la selección no será a menudo tan intensa, pero entonces, otros hechos compensan éste: por ejemplo, tenemos mucho más de mil generaciones a nuestra disposición y si un gene no fuera totalmente recesivo, la efectividad de la selección se incrementaría en proporción.

Tenemos ahora ante nosotros las líneas maestras del modo en que los biólogos explican fenómenos como los de las poblaciones insulares. Obviamente no se ha alcanzado una perfección deductiva, pero, sin embargo, podemos ver cómo los fenómenos evolutivos son explicados en cierto sentido, mediante suposiciones, de las cuales la más importante es la teoría de la Genética de poblaciones. A mi modo de ver, la importancia de la Genética de poblaciones para las investigaciones evolucionistas es, de hecho, mayor que lo que se ha indicado hasta aquí, ya que, como ampliamente ilustra el ejemplo que estamos considerando, los evolucionistas no utilizan la Genética de poblaciones solamente para dar mayor fuerza a las explicaciones evolucionistas, sino también para incorporar cierto número de detalles que las apoyan. Acerquémonos un poco más a este tema (mediante un ejemplo).

En el caso de las poblaciones de las islas, muchos evolucionistas arguyen (por ejemplo, Mayr, 1963) que los organismos son empujados al cambio evolutivo por lo que se llama el *principio fundador*. Los estudios de Genética de poblaciones sobre organismos interfecundos han llegado a la quizá sorprendente conclusión de que los grupos de éstos pueden ser genéticamente bastante variables. A pesar de un parecido genético bastante fundamental entre los miembros de tal grupo, hay todavía diferencias considerables. El fenómeno del polimorfismo equilibrado discutido en el capítulo anterior, es uno de los argumentos para explicar este hecho, según la Genética de poblaciones. En el caso del polimorfismo equilibrado, como hemos visto, dadas ciertas fuerzas selectivas (constantes), los portadores de diferentes genotipos (competidores) pueden existir dentro de la población indefinidamente. Pero esta variabilidad genética, destacada y explicada por la Genética de poblaciones, significa que los fundadores de las poblaciones de las islas no serán miembros «promedio» de sus especies paternas, pues no existen tales miembros en este caso. Los fundadores tendrán genes peculiares de pocos miembros del grupo paterno y no serán porta-

dores de muchos de los genes de dicho grupo. Este hecho, según se piensa, explica la falta de variabilidad que aparece comúnmente en los grupos insulares y, cosa aún más importante, explica buena parte de la evolución de los grupos de las islas, a partir de los progenitores y de los fundadores sucesivos (que, a su vez, formarán sus propios grupos interfecundos). Un grupo con pequeña variabilidad genética frente a las nuevas presiones selectivas podría «improvisar» como no podría hacerlo un grupo de gran variabilidad (por ejemplo, el grupo progenitor). En el grupo grande, un genotipo A_1A_1 podría ser más apto que un genotipo A_2A_2, pero en el grupo pequeño, sólo podría existir el genotipo A_2A_2. Ahora bien, la posesión de A_2A_2 podría significar que los genes de otros loci son más aptos (de lo que serían, si el portador fuera A_1A_1, etc.). Todo ello conduce pronto a la alteración de los genotipos, drásticamente diferentes de los que poseían los organismos progenitores, los fundadores subsecuentes (que también podrían estar sujetos a grandes cambios) e incluso, los fundadores originales. Por lo tanto, tenemos una razón más para explicar los tipos de organismos encontrados en las islas.

Ya se ha dicho bastante para subrayar mi afirmación sobre la importancia de la Genética de poblaciones para las explicaciones evolucionistas. Dado que, a pesar de utilizar principios particulares de su área (por ejemplo, la habilidad de los pájaros para cruzar aguas abiertas), los evolucionistas recurren a un conocimiento básico de la Genética de poblaciones para apoyar muchas de sus explicaciones, yo encuentro que mi análisis sobre la teoría evolucionista —en el que claramente acepto (e incluso solicito) esta utilización de la Genética de poblaciones—, es más satisfactorio que el de Beckner. Posiblemente Beckner replicaría al respecto que un ejemplo no puede probar mis afirmaciones generales acerca de la estructura de la teoría evolucionista, ya que estas afirmaciones se refieren al modo de presuponer e integrar la Genética de poblaciones en la *totalidad* de la teoría evolucionista. Al discutir un ejemplo de Sistemática, difícilmente he podido considerar toda la teoría. Hay algo de verdad en todo esto, aunque sugiero que mi ejemplo sería suficientemente típico de las explicaciones evolucionistas como para poder generalizarlo a otras áreas de los estudios evolucionistas. Me parece indudable que si se adopta una postura como la de Beckner, se debería al menos admitir como posible un área en la discusión evolucionista que no dependiera en ninguna

forma de la Genética de poblaciones (aun cuando la mayor parte sí dependiera). Debo confesar, además, que no alcanzo a ver cómo, a pesar de esto, podría formar parte de la teoría sintética de la evolución, una discusión que no tuviera relación directa con las leyes de la herencia aplicadas a grupos, o con la selección natural. Esta afirmación presupone, sin duda, que la referencia a las leyes de la herencia aplicadas a grupos, y a la selección natural implica una referencia a la Genética de poblaciones. Es tautológico que las leyes sean parte de la Genética de poblaciones. Respecto a la selección natural, aunque admitamos que ésta, para Darwin, operaba a nivel fenotípico, es incuestionable que la concepción moderna de selección opera esencialmente a nivel genotípico. Los que lo duden, deberían leer los trabajos citados en la página 48[2].

Desafortunadamente, los límites de este trabajo me impiden dar aquí una serie de ejemplos que refuercen e ilustren mi afirmación acerca de la estructura evolucionista, pero, sin embargo, como ahora voy a criticar el único argumento con que Beckner apoya su postura, sugiero que, desde un punto de vista positivo, al mostrar el lugar correcto de las leyes evolucionistas, se proporcionarían las pruebas de la importancia y función integradora de la Genética de poblaciones. Aun con más fuerza aparecerá este punto,

[2] Es necesaria una aclaración: los biólogos hablan frecuentemente de la selección que opera en distintos «niveles». Así, por ejemplo, Lewontin, en su excelente reseña (1970) distingue (entre otras) la selección *gamética*, «la movilidad, viabilidad y probabilidad diferenciables de fertilización de los gametos, que surgen de su propio genotipo haploide»; la selección *individual*, «la fuerza en la composición genética de una población que se origina directamente de las diferencias en el programa específico de mortalidad y fertilidad según la edad, de los diferentes genotipos»; y la selección *familiar* en la que algunos individuos de una familia (por ejemplo, las hormigas obreras) sacrifican su propia aptitud en beneficio de otros miembros de la familia. Pero estas distinciones no parecen negar la afirmación de que la selección es esencialmente un proceso genético. Los diferentes niveles indican las distintas formas en que se dejan sentir los efectos de los genes. Una excepción a la selección genética podría ser cierto tipo de selección molecular que operase en un nivel inferior al del gene (Lewontin, 1970, 2-3). Sin embargo, aun a riesgo de que parezca defender mi tesis a todo trance, sugiero que este tipo de selección estaría fuera de la incumbencia de la teoría *biológica* de la evolución, aunque con esto no se niegue que, hasta cierto punto, podría desarrollarse una teoría *química* de la evolución que implicase la selección molecular y de la que la teoría biológica sería quizá un caso especial. Este tipo de posibilidades se discutirán en el capítulo 10; Cf. también Schaffner (1969c).

al considerar en el siguiente capítulo, algunos ejemplos (de la Paleontología) que pretenden demostrar que el ideal deductivo está mal emplazado en el pensamiento evolucionista. Así desaparecerán los temores de Beckner al respecto.

4.3. «Leyes» evolucionistas

Los primeros evolucionistas (y algunos posteriores) encerraban celosamente en «leyes» toda regularidad (real o aparente) observada en los fenómenos evolutivos. Algunas de estas «leyes» se refieren supuestamente a todo tipo de organismos; de entre ellas podemos mencionar dos, como lo hace Beckner: el principio de Willinston y el principio de Bergmann. El primero establece que la serie repetitiva de estructuras en los animales evoluciona para hacerse menos numerosa, pero más diferenciada; el segundo establece que en las regiones más frías, los miembros de las razas geográficas de animales de sangre caliente son más grandes que los miembros de las razas de la misma especie en regiones más cálidas. Otras «leyes» parecidas son la regla de Allen, que dice que las extremidades de los animales de sangre caliente son más pequeñas en las regiones frías que en las cálidas, y la «ley» de Dollo, probablemente la más famosa de todas, que establece que la evolución es irreversible. En la actualidad, probablemente el abogado más distinguido de las leyes evolucionistas es Rensch, que hace sus afirmaciones, como no lo hicieron sus predecesores, con un total conocimiento de la teoría evolucionista contemporánea. Rensch arguye elocuentemente que se pueden localizar justificadamente tendencias semejantes o leyes en grupos restringidos de organismos. Un ejemplo, entre los muchos que da, es el siguiente: «los animales cuyos enemigos encuentran sus presas mediante la vista, desarrollan colores o formas protectoras (incluso colores amenazadores y mimetismo)» (Rensch, 1960, 108). Beckner arguye que la existencia de leyes tales prueba que la teoría evolucionista no puede tener la misma estructura que una ciencia física (específicamente que la Mecánica newtoniana), porque estas leyes no se derivan de la teoría evolucionista, como las leyes de Kepler se siguen de la teoría de Newton. Debemos ahora preguntarnos si Beckner tiene razón o no al afirmar esto (y si la tiene, qué se sigue de ello).

En primer lugar podríamos anotar que realmente no debe

esperarse que la mayor parte de estas «leyes» se sigan con demasiada precisión de la teoría evolucionista, pues presentan muchas excepciones. Por ejemplo, Rensch descubrió que un 20-30 por ciento de las aves paleoárticas y neoárticas son excepciones al principio de Bergmann; en los mamíferos paleoárticos y neoárticos, las excepciones llegaban al 30-40 por ciento. Por ello, la mayoría de los evolucionistas prefieren pensar que estas «leyes» son «reglas» o «principios» más que algo estricta y nómicamente necesario. Sin duda, algunos evolucionistas, en particular Simpson (1963a), rehúsan admitir que sean nómicamente necesarias en algún sentido. En cualquier caso, ningún evolucionista les da un papel muy importante en sus estudios, y ciertamente, jamás un lugar semejante al acordado a las leyes de Galileo o Kepler. Parecen considerarlas como toscas guías que indican la necesidad (y el valor) de análisis más profundos.

En segundo lugar, debería tenerse en cuenta, respecto a las reglas de la evolución, que no es totalmente correcto dar a entender que la teoría evolucionista no puede clarificar la verdad de estas reglas. Ciertamente, la teoría no las implica formalmente, pero esta teoría (en especial, la parte correspondiente a la Genética de poblaciones) puede aportar buenas razones para demostrar por qué son válidas muchas de ellas. Sin duda, podría incluso demostrar por qué hay excepciones. Así, quizá lo más semejante a estas «leyes», sería la ley de Boyle, que se deriva de la teoría de los gases, si se hacen las (falsas) suposiciones simplificadoras. Estas suposiciones demuestran por qué los gases reales no siguen la ley de Boyle. (Aunque esta analogía, en realidad, otorga a las reglas un status mayor del que merecen). Naturalmente, como la teoría de la evolución no puede asignar un porcentaje definitivo al número de excepciones que presentan las reglas evolucionistas, quizá sea mejor verlas como leyes «poco exactas» (o como «cuasi-leyes», como califican Helmer y Rescher a las generalizaciones históricas (1959), más que como leyes estadísticas. El único rasgo característico de una ley estadística, como la ley H-W, es que la parte estadística es tan necesaria como el resto de la ley. De la ley H-W no sólo se sigue que en las futuras generaciones, habrá tres genotipos (A_1A_1, A_1A_2, A_2A_2), sino también que la distribución será $p^2A_1A_1 : 2pq\ A_1A_2 : q^2A_2A_2$. Como veremos en el caso de las leyes evolucionistas, no resultan porcentajes definidos de la teoría evolucionista. Por ejemplo, no podemos inferir que exacta-

mente el 30 por ciento de los mamíferos neoárticos serán excepciones al principio de Bergmann.

Para ver la relación entre la teoría evolucionista y las leyes evolucionistas, tomemos el principio de Bergmann que, como se recordará, es uno de los ejemplos de Beckner. Se puede entender fácilmente que sucediera algo semejante, dada la teoría evolucionista, pues probablemente las presiones selectivas en las regiones frías serán diferentes de las dadas en las regiones cálidas. En concreto, en los animales de sangre caliente de las regiones frías, habrá una mayor presión sobre los genes causantes de la conservación del calor. Ahora bien, mientras que un aumento de tamaño incrementa el área total del cuerpo y propicia una pérdida de calor mayor, este aumento hace disminuir la relación entre volumen del cuerpo y superficie (pues el volumen crece en proporción al cubo de la longitud, mientras la superficie aumenta sólo en proporción al cuadrado de la misma). Por consiguiente, como, después de todo, parece que los animales grandes serán más capaces de conservar el calor, los principios básicos de la teoría de la selección pueden explicar por qué se aplica más o menos el principio de Bergmann. También pueden clarificar la existencia de excepciones. Hay varias formas de alcanzar el mismo fin (la conservación del calor): se puede engrosar la cubierta corporal. A veces, en las regiones frías, podría haber fuertes presiones selectivas en contra de los genes que causan el aumento del tamaño del cuerpo y, por lo tanto, el organismo buscaría otros métodos para conservar el calor. Por ejemplo, una especie de ardilla tiene miembros más pequeños en las regiones frías. Aparentemente esto se debe a que las regiones más frías de ésta son las de mayor altitud con suelos menos profundos; estas ardillas más pequeñas tienen, por tanto, una ventaja selectiva, pues necesitan un espacio menor para hacer sus madrigueras (Mayr, 1942, 1963).

Las restantes leyes evolucionistas parecen tener una relación parecida con la teoría evolucionista. Tomemos, por ejemplo, la ley de Dollo. Esta, quizá la más fidedigna de todas las leyes evolucionistas, tiene también cierto tipo de excepciones —como la producción de mutaciones regresivas y la existencia de combinaciones de genes desaparecidas—. En cierta forma, los organismos pueden incluso invertir la dirección de los fenómenos evolutivos de gran escala: los organismos de ciertas familias se hicieron primero más pequeños y después más grandes; casi todos los organis-

mos asexuados proceden de lejanos ancestros asexuados y de ancestros sexuados más próximos y, como es bien sabido, los ancestros de la ballena abandonaron el mar y luego volvieron a él. Por otro lado, aun cuando excepciones como éstas son suficientes para que Simpson se niegue a admitir que se trata de una ley real, sin embargo, la «ley» tiene claramente cierta credibilidad, pues, por ejemplo, las ballenas no volvieron a ser peces. Más aún, el propio Simpson justifica la ley recurriendo a la Genética, cuando escribe:

> La probabilidad estadística de una completa o esencial regresión hacia una condición muy remota es extremadamente pequeña. Los organismos funcionalmente adaptados, perceptiblemente diferentes en estructura, tienen sistemas genéticos distintos. Difieren en decenas, cientos o miles de genes y los que son iguales tienen modificadores diferentes y encajan en fondos genéticos diversamente integrados. Es probable que una estructura simple se vea afectada por muchos factores genéticos distintos y prácticamente seguro que será afectada, si su desarrollo es totalmente complejo. Las probabilidades de que todo el sistema vuelva al de un ancestro totalmente diferente, o incluso que esto ocurra con cualquier estructura de complejidad moderada, son infinitesimalmente pequeñas (Simpson, 1953, 311).

Finalmente es importante señalar que Simpson concluye este pasaje citando como prueba el ensayo técnico del genetista Muller (1939).

Debo confesar que, aunque indudablemente el valor de las «leyes de la evolución» es dudoso, no puedo imaginar, a la luz de las pruebas que acabamos de exponer, en qué refuerce Beckner su postura, recurriendo a ellas para apoyarla. Estas leyes parecen derivarse en cierto modo de la teoría evolucionista —no son enunciados aislados, como implica el análisis de Beckner—, pues, a mi modo de ver, explicar con detalle su relación con la teoría supone finalmente referirse a la Genética, en particular, a la Genética de poblaciones. Ciertamente se necesitaría la Genética de poblaciones para explicar, digamos, el principio de Bergmann, que demostrará cómo la selección de los genes encaminada a una mayor eficiencia en la conservación del calor, podría propagar tales genes en toda la población. De aquí que «leyes» como ésta, parezcan ser «consecuencias de una o varias hipótesis de mayor generalidad», pues se requiere entender, por ejemplo, la ley de Hardy-Weinberg para explicar el principio de Bergmann. Por supuesto, no ha sido probado todavía que un completo desarrollo

de la relación-consecuencia fuera eventualmente deductivo; pero antes de ocuparme de esta cuestión, quiero discutir tres argumentos más bien negativos que tratan de demostrar que tal desarrollo deductivo sería imposible.

4.4. ¿Es teóricamente imposible una teoría evolucionista axiomática?

Uno de los principales temas de Goudge en *The Ascent of Life (El ascenso de la vida)* pondera que la teoría evolucionista tiene una naturaleza bastante diferente a las teorías de la Física y de la Química. Ya nos hemos encontrado con uno de los argumentos de Goudge, dirigido en contra de las explicaciones de la Genética de poblaciones y encontraremos argumentos parecidos en el capítulo 5. En este momento quiero considerar tres argumentos de Goudge que pretenden demostrar que la teoría evolucionista no tiene ni podrá tener jamás, una forma (deductiva) axiomática. El primer argumento de Goudge es el siguiente:

> Los conceptos que aparecen en un sistema axiomático formalizado tienen un significado absolutamente fijo y preciso. En este aspecto difieren de los conceptos que se refieren a hechos empíricos. Estos últimos conceptos presentan una inevitable imprecisión, debido a lo que se ha llamado su «textura abierta». Cuanto mayor sea la complejidad de los hechos a los que se refieren, mayor será su imprecisión. Ahora bien, los conceptos que pertenecen a la teoría evolucionista se refieren a hechos de enorme complejidad. Por consiguiente, tratar estos conceptos como si fueran absolutamente precisos e incorporarlos a un sistema formal, sería falsearlos de tal modo que serían irreconocibles (Goudge, 1961, 16).

Es fácil ver que, en su presente forma, este argumento es, en conjunto, demasiado fuerte para el propósito de Goudge. Si lo que Goudge escribe fuera cierto, no sólo serían entonces eliminados del reino de la posible axiomatización los conceptos biológicos, sino también los conceptos de la Física y de la Química. En efecto, los conceptos físicos y químicos se refieren a hechos «empíricos» como planetas, péndulos y ácidos; ahora bien, dada la conclusión de Goudge, estos conceptos nunca podrían incorporarse a sistemas axiomáticos. Pero, puesto que obviamente pueden incorporarse, su argumento debe modificarse un poco. Presumo que lo que Goudge quiere realmente decir es que los conceptos de un sistema axiomático, tanto si se refieren a cosas empíricas, como

si no, deben tener un significado claramente definido; ahora bien, por la complejidad de los fenómenos evolutivos, los conceptos evolucionistas nunca podrían tener tal significado delimitado y, por tanto, jamás podrían incorporarse a un sistema axiomático.

No es difícil ver que esta crítica aun modificada es gravemente errónea. Concedamos por un momento, la bastante dudosa verdad de la premisa: los conceptos de un sistema axiomático deben tener un significado claramente definido. La crítica de Goudge tropieza todavía con el hecho de que hay fenómenos físicos de enorme complejidad —al menos tan complejos como los biológicos—, expresados, sin embargo, en conceptos que pueden incorporarse a los sistemas axiomáticos de la Física. Considérese, por ejemplo, los planetas. Estos son fenómenos muy complejos, hasta tal punto que una descripción completa de lo que queremos significar por planeta «Tierra», probablemente implicaría una descripción exhaustiva de toda la vida que hay en él. Pero, a pesar de esta complejidad, las leyes acerca de los planetas pueden deducirse del sistema axiomático conocido como «Mecánica newtoniana». Por lo tanto, Goudge debe estar quivocado cuando *a-priori* rechaza la posibilidad de sistemas axiomáticos evolucionistas, a causa de la complejidad de los fenómenos evolutivos. Los fenómenos físicos son igualmente complejos y, sin embargo, la Física tiene sistemas axiomáticos. Por supuesto, esto no niega la dificultad de hacer una teoría axiomática de los fenómenos complejos, pero la complejidad en sí misma no puede (por razones teóricas) excluir tal teoría.

El segundo argumento de Goudge para demostrar la imposibilidad de alcanzar algún día una teoría evolucionista axiomática es el siguiente:

> La estructura de los enunciados que constituyen la teoría evolucionista carece hasta el presente de la nitidez y perfección que deberían preceder a toda axiomatización. Puesto que los biólogos exponen la teoría en forma discursiva, a menudo se formula de distintas maneras, con diferente énfasis en los detalles. Periódicamente se han introducido modificaciones, según salían a la luz nuevos elementos de juicio y se proponían nuevas interpretaciones teóricas. Cualquier intento de «congelar» este cuerpo de ideas en crecimiento en un esquema formal podría dar lugar a representaciones erróneas (Goudge, 1961, 16).

A mi parecer, de todos los argumentos de Goudge, éste contiene una mayor dosis de verdad y lo profundizaré al final de esta sección. Pero, sin embargo, creo que, tomado simplemente como

argumento en contra de cualquier tipo de axiomatización en el trabajo evolucionista, no da en el blanco, porque uno querría preguntar inmediatamente cuándo exactamente alcanza una teoría la «nitidez y perfección» requeridas para una axiomatización. Tan pronto como se lance esta pregunta, puede verse que la postura de Goudge, algo intransigente, se fundamenta en una visión bastante ingenua de la construcción de teorías. Goudge parece dar a entender que, ante todo, un científico acumula un colosal cuerpo de información acerca de su materia —conceptos, leyes, explicaciones, etc.—, y únicamente después de haberlo hecho, se sienta a tratar de construir un sistema axiomático que incorpore toda esa información. Por supuesto, la realidad es bastante diferente: la construcción de la teoría y el descubrimiento de nuevas ideas van frecuentemente unidos. Esto es válido igualmente para la construcción de una teoría axiomática, ya que al tratar de axiomatizar una cantidad limitada de información, se descubren a menudo formas de entender y perfeccionar la propia información.

Sin duda, existe siempre el peligro de confiar demasiado y demasiado pronto en un sistema axiomático, pero, de hecho, este peligro no parece abrumadoramente grande en el caso de la teoría evolucionista. Indudablemente si se estudia la historia de la teoría evolucionista, se encuentra que los evolucionistas han demostrado ya su disposición para cambiar, si es necesario, sus sistemas axiomáticos. Aunque la teoría que Darwin enunció en su *Origin of Species (El Origen de las especies)* está lejos de ser una formulación deductiva completamente rigurosa, parece claro que Darwin intentaba exponer los argumentos centrales de esta teoría de una manera decididamente formal. En concreto, lo que hizo fue afirmar primero una lucha por la existencia y, a partir de ésta, llegó a la selección natural. Estos dos subargumentos empiezan con premisas que son generalizaciones empíricas, que Darwin consideró claramente como leyes y, a partir de estas premisas, se derivan las conclusiones (con más o menos rigor). Así por ejemplo, Darwin escribió acerca de la lucha por la existencia:

> Una lucha por la existencia se deriva inevitablemente de la elevada tasa de crecimiento a la que tienden todos los seres orgánicos. Todos los seres que durante el tiempo de su vida natural, producen cierto número de huevos o semillas, deben padecer una exterminación durante cierto período de su vida y durante alguna estación o algún que otro año, ya que, de otra forma, por el principio de incremento geométrico, su número llegaría a ser pronto tan

excesivamente grande, que ningún país sería capaz de sustentar su producto. Por consiguiente, ya que se producen más individuos de los que tienen posibilidad de sobrevivir, debe haber en todos los casos, una lucha por la existencia, tanto entre los individuos de la misma especie, como entre los de especies diferentes, o contra las condiciones físicas de vida (Darwin, 1959, ed. 147).

Por tanto, según parece, hay algo en la selección de Darwin que debe ser probado dentro de su sistema, partiendo de inmediato de la lucha por la existencia (y de los tipos correctos de variaciones orgánicas) y, en última instancia, de la potencialidad geométrica de la explosión demográfica. Sin embargo, como hemos visto en los ejemplos analizados ya, aunque en la moderna teoría los evolucionistas tratan ciertamente de dar cuenta de por qué se da la selección en casos concretos, éstos al parecer, consideran la selección como algo básico. Por ejemplo, hemos visto que, en la explicación del polimorfismo equilibrado, la existencia de la selección se presenta dentro de la teoría, en los axiomas, pero no se prueba como teorema. En otras palabras, prescindiendo de otros cambios posteriores al libro de Darwin, ha habido, según parece, un cambio en la cuestión de qué partes deben presentarse formalmente, pues, en efecto, la teoría moderna presenta formalmente partes que Darwin no formuló de esta manera. Las opiniones de Darwin sobre la herencia eran notoriamente una mezcla inconexa de ficción e improvisación. Como hemos visto, hoy la herencia es la parte más formalizada del pensamiento evolucionista. Pero este cambio, ocurrido desde Darwin hasta el presente, parecería acabar con todas las dudas de Goudge. La teoría de Darwin era axiomática (aunque laxa y parcialmente); la teoría moderna también lo es (repito, sólo en forma esquemática). Sin embargo, ello no ha impedido algunos desarrollos muy completos dentro de la teoría. En efecto, a través del probablemente mayor desarrollo de la teoría, se ha llegado a una mayor confianza en el método axiomático. Como se esbozó en los dos capítulos anteriores, la Genética de poblaciones es obviamente una tentativa más extensa y rigurosa de elaborar un sistema axiomático, que los pasajes citados del *Origin (Origen)*, que se aproximan a la forma axiomática. Así pues, por la incorporación de la Genética de poblaciones a la teoría evolucionista, se ha ampliado la naturaleza axiomática de esta teoría. Además, se podría añadir como conclusión que, aunque la axiomatización haya tenido un desarrollo retardado, el único argumento posible de Goudge es que, para Darwin,

la axiomatización fue un fracaso. Su argumento no demostraría que, en sí, una axiomatización esté condenada al fracaso ni ahora ni en el futuro. (Un análisis detallado de los argumentos de Darwin se presenta en Ruse, 1971a.)

Llegamos finalmente al tercer argumento de Goudge que gira alrededor de la supuestamente peculiar naturaleza «histórica» de la teoría de la evolución y es muy famoso entre los que arguyen que la teoría evolucionista es diferente. Goudge arguye lo siguiente:

> La teoría de la evolución contiene como parte esencial de su estructura, cierto número de enunciados históricos, que se refieren a fenómenos como las tendencias filogenéticas, la radiación adaptativa, la extinción de formas pretéritas de vida, etc. (...) Pero probablemente ningún evolucionista esté de acuerdo en que los enunciados de la historia natural pueden deducirse como consecuencias lógicas de una serie de postulados. Por lo tanto, la presencia de enunciados históricos hace imposible la construcción de una axiomatización total de la teoría (Goudge, 1961, 16).

El argumento de Goudge, a mi modo de ver, es de nuevo defectuoso, pues es claro que se *podrían* deducir enunciados de historia natural a partir de una serie de postulados. Indudablemente, si se quisiera, se podría deducir cualquier cosa a partir de una serie de postulados, siempre que se utilizasen los postulados correctos. Probablemente lo que Goudge quiere decir es que, dada una única serie de postulados (no contradictorios), que no se refieren a tiempos concretos, no se podría inferir ninguna conclusión que haga referencia a tiempos concretos. Si se excluyen los triviales ejemplos contrarios (como p, por tanto p r r, donde p no es histórico y r es histórico), esta afirmación parece estar bien fundada. Sin embargo, aun cuando está afirmación corregida que estoy atribuyendo a Goudge sea verdadera y aun cuando una teoría evolucionista axiomatizada no pueda contener en sus premisas referencias a tiempos concretos, la existencia de enunciados evolucionistas que se refieren a tiempos concretos no excluye la posibilidad de una versión axiomatizada de la teoría evolucionista, porque, si las razones dadas son de hecho suficientes para excluir la posibilidad de una teoría evolucionista axiomatizada, debemos entonces excluir también la posibilidad de teorías físicas axiomatizadas, ya que, en la Física, como en la Biología evolucionista, encontramos enunciados que están ligados a tiempos concretos. Esta conclusión es obviamente ridícula y tan pronto como consideremos la relación entre las teorías físicas y los enunciados sobre

los fenómenos físicos referidos a tiempos concretos, veremos enseguida la debilidad de los argumentos de Goudge. Por ejemplo, encontramos que enunciados como «la pelota chocó contra el suelo en un tiempo *t*», se siguen simultáneamente tanto de las premisas básicas de la Mecánica newtoniana como de algunos otros enunciados. Estos últimos enunciados, más que la Mecánica newtoniana, nos informan acerca del comportamiento de la pelota en otro momento (antes o después). En otras palabras, las teorías (de la Física y de la Química) funcionan un poco como las máquinas de hacer salchichas —que no se pueden hacer mientras no se introduzca la carne—. De forma similar, no se puede llegar a enunciados temporales (referidos a tiempos concretos), si no se introducen enunciados temporales. Pero, y éste es el punto que Goudge parece haber pasado por alto, se pueden introducir enunciados temporales. Así, a partir de una teoría física (que esté axiomatizada) juntamente con estos enunciados, se pueden deducir enunciados temporales adicionales.

No parece existir ninguna razón para que esto no tenga aplicación a una teoría evolucionista, sobre todo si es claramente axiomática. En efecto, si tenemos que juzgar partiendo de lo que hasta ahora hemos visto de la teoría, el mismo tipo de relación parece existir entre la teoría y los enunciados referidos a tiempos concretos. Consideremos por un momento la explicación de la evolución de los pinzones de Darwin. Admitimos que tratamos de derivar en este caso, enunciados que se refieren a tiempos concretos —por ejemplo, los enunciados sobre la distribución actual de los pájaros en el archipiélago—. Enunciados que muestran, por ejemplo, cómo hay actualmente más especies endémicas de pinzones en las islas más aisladas que en las centrales. Sin embargo, aunque derivemos enunciados como éstos partiendo de enunciados sobre la selección, la mutación y los efectos del aislamiento —enunciados que son claramente una parcela de la teoría evolucionista y no están referidos a ningún tiempo concreto—, están también implicados otros enunciados que se refieren a las condiciones reales en el presente y en el pasado inmediato. Por ejemplo, el enunciado de que el alisio sopla del cuadrante sudeste, donde se encuentran las islas Chatham, Hood y Charles. Este es —supongo— un enunciado que nos informa implícitamente de que tal viento sopla en la actualidad y ha soplado desde que los pájaros comenzaron a evolucionar en las Galápagos.

Sin embargo, si Goudge está en lo cierto, incluso un enunciado sobre los vientos alisios debe entonces formar parte de la teoría evolucionista, pues, partiendo de tales enunciados, derivamos otros temporalmente acotados —y no de enunciados sobre la teoría de la Genética de poblaciones—. Pero esta conclusión no parece plausible: el enunciado sobre el alisio pertenece a la Meteorología, si pertenece a algo. En él ciertamente no hay nada biológico. De hecho, aun los enunciados temporalmente acotados referidos a organismos, no parecen especialmente *evolucionistas* —a menos que todo enunciado sobre organismos sea «evolucionista» por definición—. Tomemos, por ejemplo, la afirmación de Lack de que no existían otros pájaros cuando los pinzones llegaron al Archipiélago de Galápagos. ¿Por qué este enunciado es *en sí mismo* más evolucionista que el enunciado newtoniano que dice que la barra de cierta balanza específica lleva únicamente un peso de cinco libras? Obviamente no creemos que el último enunciado sea particularmente newtoniano, aunque no neguemos que podríamos utilizarlo en conjunción con la Mecánica newtoniana para derivar otros enunciados. De forma parecida, no parece haber ninguna razón para que no podamos utilizar en la misma forma el primer enunciado acerca de que no existen pájaros en las Galápagos. Este y otros enunciados similares pueden utilizarse en conjunción con la teoría evolucionista para derivar otros enunciados, pero, en sí mismo, tal enunciado no es parte de la teoría. En otras palabras, no parece haber ninguna razón para que el análisis de la teoría evolucionista sea diferente del análisis necesario para las ciencias físicas.

¿Qué ha empujado a Goudge a argumentar así? Me inclino a pensar que cometió un error bastante corriente al analizar la teoría evolucionista; concretamente, confundió la *teoría* de la evolución (que nos informa acerca de los mecanismos de la evolución) con las descripciones de las *trayectorias históricas* seguidas por los grupos evolutivos de organismos («filogenia»). Las filogenias son obviamente históricas, pero, aunque podemos adquirir conocimientos acerca de ellas y comprenderlas a través de la teoría de la evolución, en sí mismas no son parte de la teoría, que en este sentido, no tiene más carácter histórico que cualquier otra teoría. De forma parecida, se puede distinguir, por ejemplo, entre la Mecánica newtoniana —no histórica— y las descripciones —históricas— de las trayectorias de los planetas en el pasado.

Esto no niega que, debido a que los evolucionistas emplean relativamente más tiempo estudiando la historia de los organismos que los físicos estudiando la historia de los planetas, los estudios evolucionistas parezcan más históricos que los de la Física. Pero ello, por sí mismo, no hace histórica a la teoría de la evolución, en cuanto que esté unida a sucesos concretos en la historia de la Tierra. (Otra cuestión diferente, que consideraré en el capítulo 10, es si las teorías biológicas contienen en general conceptos de cierto tipo de dimensión histórica. Aquí no he argumentado ni en favor ni en contra de ello, como tampoco lo ha hecho Goudge. La respuesta a este problema no tiene importancia para la cuestión de la axiomatización).

Finalmente, recojamos en este capítulo lo indicado acerca del argumento de Goudge en contra de la axiomatización prematura, que tiene algo de verdad. Los argumentos de Goudge no demuestran que la axiomatización sea *per se* mala, pero, como dije anteriormente, comparto la opinión de Goudge de que no es bueno que los biólogos axiomaticen o deban axiomatizar la teoría evolucionista *cueste lo que cueste*. Yo, en contraposición a Goudge, no estoy intransigentemente en contra de la axiomatización por principio o en la práctica; ciertamente, los biólogos no lo están. Los biólogos y teóricos, enfrentan enormes problemas prácticos y constantemente barajan y reinterpretan hechos. Esta dinámica podría desaparecer si se cediera a una tendencia ciega hacia la axiomatización. El peligro que se esconde tras cualquier intento de abogar por cierto tipo de visión axiomática de una teoría es, como señala Goudge correctamente, que el lector reciba cierta visión «instantánea» de la teoría, en la que todos los elementos están aparentemente «congelados» en su sitio. Nada menos cierto en la teoría evolucionista, pues, como en un organismo viviente en crecimiento, aparecen constantemente nuevas cosas en todos los niveles y las antiguas se desprenden. Lo indicado acerca del desarrollo de la teoría evolucionista desde Darwin ilustra este hecho; en el capítulo 10 mostraré cómo los modernos estudios genéticos influyen e influirán en la teoría mendeliana, presentada en los dos capítulos anteriores. Mis afirmaciones sobre la teoría evolucionista en este capítulo son: pienso que esta teoría tiene una estructura totalmente unificada del tipo que esbocé anteriormente y que no hay ninguna objeción teórica a una axiomatización total. No negaría ciertamente que, de hecho, tal axiomatización no está ni probablemente estará nunca

de tal manera completa, que incorpore todas las áreas de los estudios evolucionistas que hoy conocemos, aunque sí señalaría que la axiomatización de la Genética de poblaciones (principal innovación desde el *Origin (El Origen)* se orienta a un uso cada vez mayor del método axiomático en la Biología evolucionista. Quizá piense el lector que mi postura exagera la utilización del término «ideal», al afirmar, como ya lo he hecho, que el modelo hipotético-deductivo es, en cierto sentido, el ideal de la teoría evolucionista. Estoy en desacuerdo con esta impresión por las razones ya expuestas y, más vigorosamente aún, por las que quedan por exponer, pero no quiero que mis afirmaciones disimulen la forma difusa en la que normalmente se nos presenta la teoría evolucionista.

Capítulo 5

LA TEORIA DE LA EVOLUCION

II EXPLICACION

Preguntábamos y sólo parcialmente contestábamos en el capítulo anterior, por qué debe pensarse que un modelo deductivo podría tener alguna importancia como nexo entre los varios niveles de la teoría evolucionista. Como expliqué en un capítulo anterior, esta pregunta es sólo una entre una serie de preguntas generales sobre explicaciones evolucionistas, porque, como hemos visto, las explicaciones científicas parecen referirse a dos tipos diferentes de objetivos. Se dan, en primer lugar, explicaciones de hechos individuales; en segundo lugar, explicaciones de leyes. Pero, como también hemos visto, parecen dos las cuestiones básicas sobre tales explicaciones. Primero: ¿es verdad, tal como lo estipula el modelo de ley cubriente para explicaciones científicas, que el objeto explicativo (el *explanans*) contiene al menos una ley? Esta pregunta al parecer se refiere esencialmente a la explicación de hechos particulares, pues dudo que se pueda negar que la explicación de leyes, cuando es posible tal explicación, exige leyes en el *explanans*. En segundo lugar, está la cuestión de qué clase de nexos se dan entre *explanans* y *explanandum* (objeto explicado). ¿Es verdad, como el modelo de ley cubriente estipula, que los nexos deben ser deductivos (o fuertemente inductivos, como algunas versiones del modelo admiten)? Ahora bien, la pregunta es pertinente tanto para explicaciones de hechos individuales como para explicaciones

de leyes. El problema, sin embargo, de explicar las leyes parece consistir precisamente en la relación entre enunciados de diferentes niveles de una teoría, porque, ¿de qué otro modo se pueden explicar leyes como las de Kepler, por ejemplo, sino demostrando que se derivan, de alguna manera, de los enunciados del nivel superior de la teoría (como la ley de gravitación de Newton)? Así, parece que enfocada a cuestiones generales sobre explicaciones evolucionistas, mi pretensión de que la teoría evolucionista es un esbozo hipotético-deductivo, no sería ignorada.

Nadie podría negar que la mayor parte de las explicaciones evolucionistas actuales no satisfacen el modelo de ley-cubriente; pero se podría preguntar por qué no se debería negar que el modelo sea, en cierto sentido importante, un ideal, el fin último de los evolucionistas. Pienso que una de las mayores motivaciones de las críticas al modelo proviene de que, como se ha destacado a menudo, hay un modelo de predicción científica estrechamente relacionado con el modelo de explicación científica basado en ley-cubriente. En concreto, una explicación basada en una ley-cubriente podría usarse para una predicción, pues la única diferencia entre explicación y predicción estriba en que en la explicación, la conclusión de la argumentación (el *explanandum*) ya ha ocurrido, mientras que, en una predicción, la verdad afirmada en la conclusión tiene todavía que ocurrir. (La afirmación inversa no parece ser enteramente cierta, pues, si bien muchas predicciones científicas tienen la forma de ley-cubriente, algunas claramente carecen de ella). Pero los críticos del modelo, teniendo en cuenta esta estrecha relación entre explicaciones basadas en una ley-cubriente y predicciones, han tomado nota de que la teoría evolucionista, aunque aparece perfectamente explicativa, parece tener menos categoría como instrumento de predicción. A través de la teoría se podría clarificar la explicación sobre la evolución de ciertos grupos de organismos, por ejemplo, los pinzones de Darwin, aunque nadie pudiera haber previsto esta evolución antes del suceso. Desde luego, los defensores del modelo de ley-cubriente apenas si podrían negar este hecho, pero, ello no obstante, su fe en el modelo no vacila. Ellos explican el que la teoría carezca de capacidad predictiva, en parte porque muchas explicaciones de la teoría han sido sólo bosquejadas en razón de que se desconocen premisas y nexos vitales y, por lo tanto, han sido omitidos; y en parte, porque sólo mirando al pasado, puede reconocerse la verdad e importancia

de muchos de los hechos necesarios para las explicaciones evolucionistas. (¿Quién, por ejemplo, podría haberse dado cuenta de que la ausencia de pájaros en las Galápagos tendría tanta importancia en la evolución de los pinzones de Darwin?). Sin embargo, los críticos arguyen que la falta de poder predictivo de la teoría evolucionista indica que el modelo de ley-cubriente no es adecuado para la teoría evolucionista. La teoría, arguyen, tiene modelos propios perfectamente adecuados —modelos que explican, pero no predicen—. En este capítulo consideraré tres de tales modelos y demostraré que los tres son insuficientemente satisfactorios. Espero que mis críticas demuestren las razones positivas para aceptar el modelo de ley-cubriente en el contexto de los estudios evolucionistas. Sin embargo, al concluir el capítulo, explicaré por qué no encuentro intuitivamente plausible suponer que las explicaciones evolucionistas tengan un modelo diferente al de las explicaciones de las ciencias físicas (cuyo modelo es, según pienso, el modelo de ley-cubriente). (En este capítulo argumentaré en pro de la necesidad de explicaciones basadas en leyes-cubrientes, pues precisamente en contra de esto se ha esgrimido la teoría evolucionista. Prestaré poca atención a la cuestión de si todas las explicaciones basadas en leyes-cubrientes son explicaciones científicas válidas, aunque sea claro que algunas no lo son. La deducción de una ley de sí misma encaja en el modelo, pero no basta como explicación.)

5.1. *Explicaciones típicamente genéticas*

Gallie (1955) afirma que dentro de la Biología evolucionista encontramos explicaciones completas que, en ningún sentido, pueden ser utilizadas para hacer predicciones (Scriven, 1958, ofrece un argumento muy similar). Acerca de tales explicaciones —que llama «explicaciones típicamente genéticas»—, Gallie escribe lo siguiente:

> El primer prerrequisito de una explicación típicamente genética es reconocer el *explicandum* [esto es, el *explanandum*] como un todo temporal, cuya estructura contiene ciertos factores persistentes o muestra una dirección definida de cambio o desarrollo. Por consiguiente, buscamos un suceso antecedente, el *explicans* [esto es, el *explanans*] que puede ser considerado como condición necesaria del *explicandum* por razones inductivas ordinarias (observaciones de casos análogos), pero, más específicamente, en razón de una continuidad probable entre

explicans y explicandum, respecto a los factores persistentes o a la dirección del cambio (Gallie, 1955, 155).

Por lo tanto, contrariamente a las explicaciones basadas en leyes-cubrientes, la explicación típicamente genética no recurre a leyes (al menos, en el *explicans*) ni intenta especificar los tipos de nexo entre *explicans* y *explicandum* requeridos por el modelo de ley-cubriente. Una condición necesaria no es necesariamente base para una inferencia deductiva, ni para afirmar que el *explicans* suministre un sólido apoyo inductivo al *explicandum*. (Siguiendo a Gallie, usaré en esta sección los términos «*explicans*» y «*explicandum*» en lugar de los más comunes «*explanans*» y «*explanandum*».)

El ejemplo que Gallie elige para ilustrar su modelo de explicación evolucionista aparece con frecuencia bastante monótona en discusiones filosóficas sobre Biología; es la explicación de los largos cuellos de las jirafas. Gallie escribe:

> A todos se nos ha dicho que la especie jirafa ha surgido a través de una sucesión de especies con cuello cada vez más largo, porque, en cada paso de esta secuencia, la posesión de cuellos insólitamente largos daba a la especie en cuestión ciertas ventajas, por ejemplo, para conseguir comida, haciéndola capaz de sobrevivir y procrear descendencia cuya variabilidad inherente permitía mayores cambios en la misma dirección general. Pero, ¿cuál es la fuerza —o la interpretación legítima— del «por qué» en esta explicación? Sí significa simplemente que la jirafa y las especies intermedias inmediatas no habrían probablemente sobrevivido sin poseer ciertas ventajas relacionadas con la posesión de cuellos largos, resulta entonces una conjetura muy plausible. No puede dudarse que se trata de una conjetura que explica realmente: nos permite pasar del tópico de que la especie jirafa no podría haber surgido sino de un antepasado que por razones de continuidad debería haber tenido el cuello largo, a la afirmación de que, a menos que este antepasado haya desplegado ciertas características específicamente mencionadas, o a menos que se haya conformado, a través de ciertos modos especificados, a los requerimientos generales de la competencia por sobrevivir, la especie jirafa no existiría hoy día (Gallie, 1955, 157).

Ahora bien, veamos primero brevemente el modelo general de Gallie para una explicación evolucionista y luego el ejemplo específico que nos ofrece. Respecto al primer punto, suponiendo que los evolucionistas quieran no sólo explicar, sino ofrecer explicaciones válidas en algún sentido, un modelo como el de Gallie es, en conjunto, completamente débil (Cf. por ejemplo, Montefiore, 1956). El modelo admite como explicaciones adecuadas, «explicaciones» que ningún buen científico consideraría satisfactorias en

ningún sentido. Consideremos, por ejemplo, la siguiente aspirante a explicación: «La explicación de los cuellos largos de las jirafas es que hace unos 150 millones de años, apareció un grupo de pequeños animales de sangre caliente, lecheros (es decir, mamíferos) que, comparado con sus rivales (reptiles, por ejemplo) tenía ciertas ventajas (por ejemplo, por ser de sangre caliente, no los inmovilizaba el frío).» Esta supuesta explicación satisface todos los requisitos del modelo de Gallie para algo que aspira a ser una explicación. El *explicandum* es obviamente «un todo temporal cuya estructura o contiene ciertos factores persistentes o muestra una cierta dirección definida de cambio o desarrollo», tanto es así que se trata del mismo *explicandum* que Gallie da en su ejemplo. El *explicans,* animales de sangre caliente con sus consecuentes ventajas, es un suceso antecedente, condición tan necesaria del *explicandum* como las jirafas ancestrales con cuello más largo que sus rivales (con sus consecuentes ventajas). Existe también seguramente una continuidad entre los primeros mamíferos y las actuales jirafas de cuello largo. Sin embargo, apenas puede creerse que la existencia de tales primeros mamíferos explique algo sobre los cuellos largos de las jirafas o la trompa de los elefantes o el cerebro humano. (Soy consciente, desde luego, de que el crítico observará que, en mi exigencia de explicaciones «válidas», estoy suponiendo mil cuestiones; sin embargo sugiero que deberían seguirse algunas normas, que mi ejemplo imaginario no cumple, aunque sí satisfaga el modelo de Gallie.)

Por lo tanto, según parece, antes de que el modelo de explicación típicamente genética sea considerado como un modelo adecuado de explicación evolucionista, debería reforzársele de algún modo (o modos). Ahora bien, no quiero en este momento verme arrastrado a una discusión teórica demasiado detallada; sin embargo, inicialmente, a mi modo de ver, el reforzamiento del modelo de Gallie reclamaría que, en algún sentido, se ampliasen las condiciones necesarias requeridas por el *explicans*. De algún modo, la existencia de los primeros mamíferos, aun dados todos sus caracteres favorables, parece demasiado alejada de los cuellos de las jirafas; los primeros mamíferos están tan distantes en tiempo y en cambios evolutivos que, aunque hayan sido necesarios, creemos que, en conjunto, hay una distancia (lógica) demasiado grande como para que los mamíferos puedan clarificar en algo la existencia de los cuellos de las jirafas. Consideremos un caso análogo: se da una

norma en la Universidad de Guelph, según la cual un alumno debe seguir (y aprobar) treinta cursos (de un tipo determinado) antes de estar cualificado para obtener el grado de licenciado en filosofía. Supóngase que pedimos una explicación de porqué un estudiante merece la graduación; se nos dirá que consiguió una puntuación alta en introducción a la Filosofía. En esta explicación de por qué tal estudiante mereció el título, hay una enorme distancia lógica, si todo lo que se nos dice es que ha pasado un curso, introducción a la Filosofía, aunque lo haya pasado de modo sobresaliente. Pasar introducción a la Filosofía puede ser una condición antecedente necesaria para conseguir la licenciatura en Filosofía, pero, por sí mismo, no es suficiente para conseguir tal graduación, ni para explicar por qué el alumno la merece. Antes de considerar explicado el mérito de la graduación, debemos ampliar el campo de las condiciones necesarias especificadas en el *explicans*. Pero, ¿qué implica en realidad esta ampliación? Presuntamente, en el caso del estudiante que se cualifica para un grado, señalaremos otras condiciones necesarias que ha cumplimentado; a saber, otros cursos hechos y terminados con éxito. Y me parece que algo similar debería exigirse en la anterior cuasi-explicación de los cuellos de las jirafas.

Sin embargo, obsérvese ahora lo que implica añadir otras (más ajustadas) condiciones necesarias. Si agregamos un número creciente de condiciones necesarias, nos acercamos a una condición suficiente, pues una conjunción de todas las condiciones necesarias de algo es su condición suficiente. Una condición necesaria de un objeto x es algo sin lo cual x no puede ocurrir, pero si tenemos todas las condiciones necesarias, entonces x debe ocurrir, esto es, tenemos una condición suficiente de x. Así, en el caso de la graduación, puesto que acabar con éxito los 30 cursos (especificados) son todas las condiciones necesarias para obtener el título, según estipula la norma de los 30 cursos suficientes, si el alumno no ha completado con éxito todos estos cursos, dada la norma, no se le podrá exigir nada más para otorgarle la graduación. El estudiante ha cumplimentado una condición suficiente para su titulación y argüir de otro modo sería sugerir que hay otras condiciones necesarias. De modo similar, si tuviéramos todas las condiciones necesarias de los cuellos de las jirafas, tendríamos una condición suficiente de los mismos.

El todo de esta discusión parece estribar en que, si han de

tomarse las explicaciones típicamente genéticas como explicaciones «válidas», éstas deben ir siendo, al menos de cierto modo, explicaciones suficientes y no deben descender por debajo de un mínimo. (Una «explicación suficiente» es aquella cuyo *explicans* constituye una condición suficiente del *explicandum*.)

Ahora bien, podría argüirse que ello no prueba que para una adecuada explicación se deba llegar a una explicación suficiente, ni tampoco cuál pudiera ser el mínimo permisible para la explicación necesaria (ni cómo podría medirse tal mínimo). (La mayor parte de los casos son mucho más complejos que el de los treinta cursos académicos igualmente necesarios.) De modo similar, ello no prueba que el *explicans* deba contener leyes. (Volveré a considerar esta cuestión más adelante en este capítulo.) Sin embargo, sugiero que, al parecer, una (válida) explicación típicamente genética comenzaría a parecerse más a una explicación basada en una ley-cubriente, pues al pedir un nexo *deductivo* entre *explicans* y *explicandum*, se está exigiendo que el *explicans* se constituya en condición suficiente del *explicandum*. Aun cuando se admita que una explicación adecuada, basada en una ley-cubriente, especifique solamente un nexo inductivo sólido entre *explicans* y *explicandum*, se estaría diciendo entonces que el *explicans* debe referirse a condiciones necesarias que, en algún sentido, se aproximan a una condición suficiente. Así pues, aunque se darían todavía razones de desacuerdo entre los defensores de los dos modelos —el típicamente genético y el de ley-cubriente—, éstos comenzarían por lo menos a hablar en un mismo idioma. Respecto a los nexos requeridos entre *explicans* y *explicandum*, no parecen estar ya tan distantes como la discusión que Gallie sugiere. Para ambos modelos, las condiciones suficientes de los *explicanda* parecen al menos importantes y, hablando sinceramente, pienso que, si el defensor típicamente genético sostuviera aún que los nexos entre *explicans* y *explicandum* no deben ser los especificados por el modelo de ley-cubriente, tendría la obligación de demostrar cuáles podrían ser esos nexos. En concreto, debería demostrar por qué, a pesar de que debamos acercarnos a una condición suficiente y sea (lógicamente) posible ir más lejos, se llega a un punto donde no es necesario continuar. Si no demuestra esto —como ciertamente no lo hace Gallie—, el modelo de ley-cubriente parece entonces, a este respecto, un ideal apropiado. No continuaré aquí con este tema, pero, como prometí, al final del capítulo enumeraré

algunas razones de por qué no creo intuitivamente plausible, al menos en el caso de explicaciones evolucionistas, suponer la existencia de argumentos convincentes capaces de demostrar que la satisfacción de una condición suficiente *(explicans)* pudiera en un momento determinado convertirse en científicamente redundante. Respecto a esto es importante que Gallie no haya aportado tal prueba, necesaria para sostener su afirmación.

Antes de continuar, se imponen dos aclaraciones: en primer lugar, para un nexo deductivo, son necesarias premisas y reglas de inferencia. Al especificar condiciones suficientes, se especifica solamente el posible contenido de las premisas de un argumento: las condiciones son «suficientes» precisamente por las reglas que han sido dadas o aceptadas. Así, por la regla que determina la suficiencia de 30 cursos (especificados) y sólo por ella, 30 cursos son suficientes. Normalmente un Senado universitario no establece reglas de inferencia y se debe contar con reglas más generales, como *modus ponens* (esto es, la regla de la afirmación del antecedente). No hablaré aquí más sobre este punto, pero, de ahora en adelante, supondré que, a menos que se den reglas especiales de inferencia, las condiciones suficientes serán tales que éstas, o más precisamente sus enunciados, puedan constituir las premisas de argumentos deductivamente válidos que sólo apliquen las reglas de inferencia que se encuentran en los textos corrientes de Lógica. Esto significa que puedo tomar leyes como condiciones necesarias o suficientes; aunque destaco que, al admitir que una ley puede ser una condición necesaria (aun cuando más adelante en este capítulo argüiré que las leyes son condiciones necesarias de explicaciones científicas válidas), no por ello supongo que el *explicans* de un buen argumento científico deba contener una ley. Los lectores que objeten las leyes tomadas como «condiciones necesarias» pueden estar seguros de que ninguna parte esencial de mi análisis depende de esta terminología. Más adelante demostraré que mi argumentación sigue siendo válida, al referirse sólo a objetos o fenómenos particulares con el término de «condición».

En segundo lugar, debe admitirse que mi análisis sobre los nexos entre condiciones necesarias y condiciones suficientes ha sido un tanto simplificado. He argumentado que una condición suficiente debe (en cierto sentido) contener todas las condiciones necesarias y ello es, desde cierto punto de vista —adecuado para este análisis—, correcto. Sin embargo, hay datos que complican

este análisis. A veces tenemos condiciones suficientes que no parecen condiciones necesarias o no las contienen. Considérese el siguiente caso: parte de las regulaciones para obtener un título de licenciado en la Universidad de Guelph, especifican que uno de los 30 cursos requeridos debe ser un curso de ciencias o su equivalente. Una condición suficiente para satisfacer este requisito de ciencias (dadas las reglas universitarias) es aprobar Filosofía de la Ciencia. Sin embargo, aunque el curso de Filosofía de la Ciencia sea una condición suficiente, no es una condición necesaria; se podría, por ejemplo, tomar en su lugar un curso de Geomorfología. Por lo tanto, parece haber condiciones suficientes que no son condiciones necesarias ni las contienen (pero que parecen tener condiciones necesarias ocultas muy en el fondo, porque resulta claro que debe hacerse algo para cumplir el requisito de ciencias).

Obviamente la causa de esta situación, que mi análisis ha ignorado, es que algunas veces tenemos una serie de condiciones (llamadas por Goudge, condiciones «contribuyentes»), ninguna de las cuales es necesaria por sí misma, pero, sin embargo, una de ellas (cualquiera) debe incluirse en una condición suficiente. La condición necesaria es, en realidad, la disyunción de la serie particular de condiciones contribuyentes. (Puede, desde luego, haber más de una serie de condiciones contribuyentes.) Así, para satisfacer el requisito de ciencias es necesario terminar con éxito *ya* Filosofía de la Ciencia, *ya* Geomorfología (o cualquiera de cierto número de otros cursos especificados). Estrictamente hablando, por lo tanto, una condición suficiente contiene todas las condiciones necesarias o, al menos, cuando algunas de las condiciones necesarias son disyunciones de series de condiciones contribuyentes, una condición contribuyente de cada serie. Como he dicho, este análisis más preciso de la relación entre condiciones necesarias y suficientes no tiene gran importancia para mi discusión con Gallie. Lo importante acerca del modelo de explicación de Gallie es que no requiere la especificación de una condición suficiente (o casi suficiente), sino sólo de algunas condiciones necesarias. A ello replico que tal modelo es demasiado débil. Ni el modelo de Gallie ni mi réplica se modificarán sensiblemente, si se reconoce que algunas condiciones necesarias son disyunciones de condiciones contribuyentes. Considerando esto, el modelo de Gallie necesita entonces la especificación de algunas condiciones necesarias y/o de algunas condiciones

contribuyentes (de diferentes series), pero no requiere una condición suficiente (o casi suficiente). Replico que debemos acercarnos a una condición suficiente a través de la especificación de condiciones necesarias (esto es, aquellas que no son disyunciones de condiciones contribuyentes) y (donde tenga importancia) a la especificación de, al menos, un elemento de cada serie de condiciones contribuyentes. (Como señala Gibson (1960, 187n), se puede extender cierta y legítimamente el modelo de Gallie en esta forma, pues, de hecho, Gallie da algunos ejemplos de condiciones que ordinariamente serían consideradas como condiciones contribuyentes más que como condiciones necesarias.)

Sin embargo, antes de dejar este punto, debo decir finalmente que admití al inicio de este capítulo estar tratando únicamente la cuestión de si las explicaciones en las ciencias biológicas deben al menos tener como ideal, en algún sentido, el modelo de una ley-cubriente, y concedí que, aunque este requisito podía ser una condición necesaria de una buena explicación científica no era una condición suficiente. Beckner (1967) ha señalado que en la busca de un modelo de explicación científica que sea tanto suficiente como necesario, debe tenerse en cuenta qué condiciones contribuyentes han sido presentadas en una explicación suficiente. No toda condición contribuyente será satisfecha por el solo hecho de que otras condiciones contribuyentes (de la misma serie) lo hayan sido. Por ejemplo, condiciones suficientes para evitar una epidemia de viruela (supuestas ciertas leyes pertinentes) son la ausencia del virus de la viruela, en primer lugar, o un programa efectivo de inmunización. Pero si se nos hablara en primer lugar de un programa de inmunización y luego nos enteráramos que no había virus, no consideraríamos explicado que se hubiera evitado la epidemia. Estoy seguro que puede encontrarse un modelo de explicación que elimine dificultades de esta naturaleza. En cualquier caso, está claro que la búsqueda de un modelo totalmente adecuado de explicación científica es mucho más compleja de lo que podría parecer a primera vista.

Brevemente veamos ahora el ejemplo real que Gallie presenta. Debo confesar que encuentro difícil ver en este ejemplo un apoyo firme para el modelo típicamente genético. Dejando de lado lo demás, el *explicans* contiene algo que me sorprende por su notable parecido con una ley. (He admitido que de entender una «condición suficiente» de la manera especificada en los últimos párrafos, se

sigue que las condiciones necesarias puedan ser tanto leyes como hechos particulares. Sin embargo, a mi modo de ver, Gallie no pretende convertir en leyes sus condiciones necesarias.) Considérese el enunciado: «a menos que este antepasado de las jirafas se haya conformado a través de ciertas maneras especificadas a los requisitos generales de la competencia por sobrevivir, la especie jirafa no existiría hoy día» (Gallie, 1955, 157). Con franqueza, a menos que se esté totalmente de acuerdo con Smart en negar que la Biología tenga en absoluto leyes, no alcanzo a ver cómo la exigencia de que los organismos se conformen a «requisitos generales» pueda ser más que algo basado en una suposición de necesidad nómica. Nadie vio jamás las jirafas ancestrales y, sin embargo, nos atrevemos a decir que ciertos enunciados deben haber sido válidos para ellas, y esto es, a fin de cuentas, a lo que se refieren todas las leyes.

Sin embargo, aun concediendo este punto, cosa que francamente pienso que concedería Gallie, éste parece claramente no tanto negar la importancia de las leyes como que alguien se moleste en colocarlas en un *explicans* (se las estaría guardando bajo la manga para justificar la necesidad de condiciones en ese *explicans*). Gallie sigue ciertamente teniendo razón al afirmar que la «explicación» está lejos de ofrecernos una condición suficiente. Pero nuevamente tropiezo con dificultades en el análisis de Gallie. Faltando en la explicación, como el mismo Gallie lo destaca, toda mención a la genética de las jirafas, no se puede desde luego, pasar deductivamente de los antepasados con éxito de cuello más largo a las actuales jirafas de cuello largo. Aparte de todo lo demás, la longitud de los cuellos podría ser similar al tostado por el sol, que no se transmite a los descendientes. Pero, si aceptamos el análisis de Gallie, el pensamiento evolucionista sobre el tema de los cuellos de las jirafas parece entonces muy extraño. Los evolucionistas saben algo de genética (específicamente de genética de jirafas) y evidentemente, después de dar una explicación según las líneas descritas por Gallie, podrían continuar y continuarían presentando explicaciones que se basan en esos conocimientos genéticos. (Quien niegue este hecho confiesa que no ha leído nunca lo que los evolucionistas escriben por sí mismos —por ejemplo la revista *Evolution* («Evolución»)—. Por cierto, quien niega este hecho acepta desconocer las reformas que hizo Darwin en posteriores ediciones de su *Origin (El Origen)* donde trató desesperadamente de tapar

los huecos que su ignorancia de las leyes de la herencia dejó en la primera edición, y niega también la racionalidad de la obsesión que han tenido los evolucionistas del siglo veinte con la Genética mendeliana.) Ciertamente, los evolucionistas no podrían llenar todas las lagunas de nuestro conocimiento sobre la evolución de las jirafas, pero sí podrían mostrar (y mostrarían) cómo los genes que determinan la longitud del cuello, serían transmitidos de una generación a la siguiente y cómo habrían pasado a toda la población. Sin embargo, de ser verdadero lo que Gallie escribe, tendríamos dos explicaciones evolucionistas sobre los cuellos de las jirafas completa y perfectamente adecuadas y distintas: una que da Gallie (una explicación sin referencia a la Genética), y la otra con la información genética. Para mí, esta clase de situaciones deben interpretarse afirmando que la primera explicación es precursora de la segunda; en otras palabras, la segunda es una versión mejorada de la primera explicación. Si esto no es así, no puedo comprender por qué los evolucionistas se molestarían siquiera en proveerse de una segunda explicación (con elementos de Genética).

Gallie, sin embargo, debe argumentar que la primera explicación es perfectamente adecuada, sin necesidad de ningún suplemento, aunque no pueda negar que los evolucionistas siguen adelante hasta poder ofrecer una explicación ampliada. Sin lugar a dudas, en un momento dado Gallie dice bastante significativamente que «las explicaciones típicamente genéticas sí explican: establecen conclusiones que es muy importante conocer, aunque sólo sea porque proporcionan habitualmente las premisas ejemplificadoras o históricas de posteriores explicaciones del modelo predictivo» (Gallie, 1955, 157). Sin embargo, el tema principal de su ensayo es recalcar que «las explicaciones en términos de condiciones necesarias temporalmente previas, se ofrecen habitualmente, cuando no hay una buena razón para aceptar —y cuando evidentemente no se consideran posteriormente— explicaciones de carácter más completo y, particularmente, de carácter predictivo» (Gallie, 1955, 157). Si lo que Gallie escribe fuera cierto, parece entonces, en cierto sentido, que los evolucionistas malgastarían su tiempo en pedir auxilio a la Genética para explicar los cuellos de las jirafas, pues ya tienen una explicación que es a «su propia manera, perfectamente satisfactoria» (Gallie, 1955, 152). Yo por mi parte, no alcanzo a ver que este camino sea algo más que un primer paso en la ruta de una explicación que recurra a la Genética. De otro modo,

no parece haber continuidad en lo que los evolucionistas hacen (mucho de lo cual, por cierto, es innecesario). (De hecho, Gallie parece incluso negar la posibilidad de recurrir a la Genética, no digamos ya hacerlo él mismo.)

Directamente no hablaré más sobre el modelo de explicación de Gallie. Más bien estudiaré ahora diversos modelos que aspiran a convertirse en modelos de explicación evolucionista. Ambos modelos han sido presentados por Goudge, que, como Gallie, quiere reemplazar el modelo de ley-cubriente como guía de las explicaciones evolucionistas. En concreto, Goudge presenta modelos que exigen condiciones suficientes (como el modelo de ley-cubriente, en contraposición a Gallie), pero no leyes (a diferencia del modelo de ley-cubriente y de acuerdo con Gallie, por cuanto éste afirma que no aparecen leyes en el *explicans*, pero en desacuerdo con él por cuanto a éste le parece de alguna manera posible exigir leyes). Tomemos por turno los dos modelos de Goudge.

5.2. *Explicaciones integradoras*

Goudge afirma que en un nivel de la teoría evolucionista encontramos una amplia gama de fenómenos, que son integrados por pertenecer al mismo *explanans*. Este *explanans* es un enunciado histórico general sobre amplios bosquejos de la vida en la Tierra, como, por ejemplo, «los organismos vivientes relacionados entre sí y procedentes de un antepasado simple y único a través de una larga secuencia de divergencia, diferenciación y complejidad desde tal antepasado» (Goudge, 1961, 65). Goudge argumenta que tal enunciado presenta una condición suficiente del *explanandum* de una explicación integradora, sin referencia alguna a leyes.

Como ejemplo de una explicación integradora, Goudge ofrece la presencia de vestigios de órganos (por ejemplo, el apéndice humano). Goudge afirma que la explicación de tales órganos hace referencia a un enunciado sobre la historia de la vida en la Tierra, similar al que acaba de citarse. Su reconstrucción de la explicación es la siguiente:

> La mayor parte de los órganos y estructuras observadas en los animales actuales tienen una función adaptativa respecto a su modo de vida. En virtud del principio de uniformidad, inferimos que la mayor parte de los órganos y estructuras de los animales del pasado fueron igualmente adaptativos. Entre animales (y plantas) actuales, se observan aún vestigios. Ahora bien, la presencia

de tales vestigios se explicaría satisfactoriamente si se toma en cuenta que fueron restos heredados de órganos y estructuras que alguna vez tuvieron una función adaptativa en la vida de los organismos ancestrales. Pero teniendo muchas pruebas de que tales organismos ancestrales existieron, es razonable suponer que sus necesidades de adaptación, diferentes de las de sus descendientes, requerirían órganos totalmente desarrollados y estructuras del tipo representado ahora por los vestigios. La presencia de estos vestigios no es, pues, sorprendente, dado el carácter general de la historia de la vida. Por lo tanto están satisfactoriamente explicados en referencia a esa historia y a ciertas suposiciones plausibles (Goudge, 1961, 67).

No intentaré aquí un análisis general del modelo de Goudge, principalmente porque no estoy muy seguro de hasta qué punto querría Goudge que tomáramos en serio su modelo, pues, como veremos enseguida, su ejemplo difiere substancialmente de la guía establecida por el modelo. En todo caso, la mayor parte de los puntos que quisiera tratar aparecerán al considerar el segundo modelo de Goudge y allí serán discutidos. Aquí destacaré simplemente tres puntos acerca de su ejemplo, que sugieren que, si el ejemplo es típico, el modelo deja entonces algo que desear (y esto que deja desear apunta al modelo de ley-cubriente).

Acerca del supuesto ejemplo de una explicación integradora presentado por Goudge, debemos considerar, en primer lugar, que el *explanans* contiene ciertamente mucho más que un enunciado general sobre historia de la vida. En particular «esas ciertas suposiciones plausibles» introducen en la historia algunas interpretaciones con altísima carga teórica, pues hablar (hoy día) de caracteres «adaptativos» es llegar directamente al núcleo de la teoría evolucionista. No estoy negando, desde luego, que sea legítimo hacer tales referencias a la teoría evolucionista, pero recalco que hacerlo nos saca de una mera descripción de la historia de la vida. Más aún, si nos referimos a la teoría evolucionista, nos referimos entonces a un cuerpo de conocimientos formado por leyes. De ahí que el *explanans* que Goudge presenta, se refiera implícitamente al conocimiento de leyes.

En segundo lugar, el explanans no nos da una condición suficiente del *explanandum*, porque de que el carácter *C* fuera adaptativo en el pasado, no se sigue que, si las condiciones actuales son tales que *C* no puede ya ser adaptativo, deba haber ahora un carácter *c*, vestigio de *C*. Por muchas razones, toda huella de *C* podría haber sido borrada por completo. Por lo tanto, otra vez, el ejemplo de Goudge no encaja en su modelo.

En tercer lugar, en cuanto tratamos de tapar los huecos dejados en el *explanans* para que el ejemplo encaje en el modelo (suministrando una auténtica condición suficiente), nos encontramos con que debemos referirnos a la Genética y sus leyes. Podríamos, por ejemplo, querer demostrar que algunos vestigios están enlazados por pleiotropismo (a través de genes de efectos múltiples) a otros caracteres aún en adaptación y que, por lo tanto, los genes de los vestigios poseen en todo una ventaja selectiva. Pero al hacer esto, la explicación de los vestigios comienza a parecer un apoyo del modelo de ley-cubriente y de mi concepción de la teoría evolucionista, más bien que del modelo de explicación integradora de Goudge.

Ahora bien, Goudge querría sin duda hacer muchas réplicas a mis críticas; en particular, querría debilitar la exigencia de una condición suficiente, dado que, no muy coherentemente, en un cierto momento, ha hablado de explicaciones integradoras que «establecen una condición general suficiente o una importante condición necesaria del fenómeno por explicar» (Goudge, 1961, 69). Como estas posibles réplicas de Goudge son probablemente las mismas que querría éste hacer a mis críticas de su segundo modelo de explicación evolucionista, me ocuparé de este modelo enseguida.

5.3. Explicaciones narrativas

Después de que han hecho explicaciones integradoras, arguye Goudge, los evolucionistas vuelven enseguida a niveles bastante diferentes, cuando formulan lo que él llama explicaciones «narrativas». Estas explicaciones son del tipo que pretende demostrar por qué han ocurrido sucesos evolutivos particulares, como la evolución de ciertas clases importantes de organismos y la extinción de otras. Una vez más, Goudge afirma que no se encuentra ninguna referencia a leyes y que, por lo tanto, el modelo válido de explicación no es el modelo de ley-cubriente. Más aún, Goudge dice explícitamente la razón por la que piensa que no puede haber leyes; su razón —a mi modo de ver— unida al bajo poder predictivo de la teoría evolucionista, subyace a muchas de las alternativas opuestas al modelo de ley-cubriente. Es la siguiente: los fenómenos que explican los evolucionistas son *únicos*.

Dado que el objetivo de los evolucionistas —escribe Goudge— es lograr que los principales

> ...sucesos [evolutivos] se entiendan como fenómenos únicos, irrepetibles, se debe recurrir a las explicaciones históricas o «narrativas». La situación no admite un tratamiento sistemático, refiriéndose a leyes generales. De ahí que las explicaciones narrativas entren en el campo de la teoría evolucionista cuando se discuten cuestiones referidas a los sucesos singulares de mayor importancia para la historia de la vida (Goudge, 1961, 70-1).

Como ejemplo de explicación narrativa, Goudge cita un ensayo de Romer en el que se explica por qué los vertebrados abandonaron el agua y evolucionaron hasta convertirse en criaturas terrestres. Romer afirma que la causa de este paso evolutivo fue, paradójicamente, posibilitar a los anfibios su permanencia en el agua. Su evolución en animales terrestres fue accidental.

> El período devónico cuando se originaron los anfibios, fue una época de sequías estacionales. Por momentos, las corrientes de agua cesaban (...) Si el agua se secaba completamente y no volvía pronto (...) los anfibios, de miembros recién desarrollados para andar por tierra, podían arrastrarse fuera del remanso empequeñecido, subir y bajar por el lecho de la corriente o por tierra para llegar a otro remanso donde pudieran continuar su existencia acuática. Los miembros terrestres se desarrollaron para llegar al agua, no para abandonarla.
>
> Sin embargo, una vez desarrollados los miembros, no es difícil imaginar cuán accidentada resultaba la vida real en la tierra. En lugar de volver al agua inmediatamente, los anfibios aprenderían a permanecer en los remansos secos y a devorar peces encallados en las orillas. Los insectos ya estaban presentes y aportarían los primeros elementos de una dieta terrestre. Más tarde, utilizaron las plantas como fuente de aprovisionamiento de alimentos (...) Finalmente, a través de tales desarrollos diversos, una fauna terrícola habría quedado establecida (Goudge, 1971, citando a Romer, 1941, 47-8).

Goudge sugiere que este argumento de Romer es típico de la clase de razonamientos encontrados en la teoría evolucionista. Es importante señalar que no se ha intentado deducir lo que se está explicando —la evolución de los vertebrados que viven en tierra firme— de una o varias leyes. Más bien, el suceso explicado ha sido *encajado en el contexto,* mostrando cómo varios sucesos conducen a él. Ha dejado de estar aislado para caer así en su lugar. Goudge agrega que podemos considerar que el razonamiento intenta darnos una condición *suficiente* del hecho a explicar. Goudge destaca luego que si C es una condición suficiente de E, entonces C debe contener todas las condiciones necesarias de E: n_1, n_2,

n_3... y al menos una de las contingentes condiciones contribuyentes c_1, c_2, c_3... (Como he dicho, por condición «contribuyente» Goudge entiende una serie de condiciones que, separadamente, constituyen una condición suficiente. Goudge no llega, sin embargo, a señalar que podría haber diferentes series de condiciones contribuyentes, que, separadamente, conformen diferentes condiciones necesarias. Seguiré tratando, como hasta ahora, solamente de condiciones necesarias, incluidas en éstas, las condiciones contribuyentes). Así pues, Goudge afirma que en una explicación narrativa encontramos condiciones necesarias (por ejemplo, que los anfibios deben haber encontrado alimento en tierra firme) y condiciones contingentes contribuyentes (por ejemplo, que los anfibios caminaban sobre tierra). Sin embargo, agrega Goudge, raramente obtendremos todas las condiciones necesarias, si alguna vez las obtenemos. Solamente se dan aquéllas que son más importantes o menos esperadas y, por lo tanto, desconocidas. De ahí que, en gran medida, las explicaciones narrativas serán necesariamente conjeturales; serán a menudo sólo explicaciones *posibles* y en ellas se emplearán ampliamente términos como «podría», «habría» y «debería».

Por ello y por la ausencia de leyes, Goudge afirma que las explicaciones narrativas nunca encajarán en el modelo de ley-cubriente y escribe:

> Puede resultar tentador tratar de conformar este modelo con los «modelos» de explicación familiares. El primero es el modelo de un sistema jerárquicamente deductivo, declarado a menudo como forma ideal en que la parte teórica de cada ciencia debería fundirse o a la que, en todo caso, debería aproximarse. La atracción ejercida por este modelo se explica principalmente por el éxito con que se emplea en la Física. Pero no parece ser aplicable a modelos de explicación histórica en Biología. En efecto, la secuencia temporal de sucesos especificados en el ejemplo anterior no es tal que permita inferir deductivamente cada suceso de sus antecedentes. La presencia de muchas condiciones contribuyentes contingentes en la secuencia, hace ocioso esperar que los enunciados constitutivos del modelo explicativo puedan ser organizados deductivamente ni siquiera quizá axiomáticamente. Es pues, erróneo tener en cuenta el modelo deductivo para este punto, por importante que pueda ser en otras disciplinas (Goudge, 1961, 74-5).

Las explicaciones narrativas, por consiguiente, cuentan una «historia verosímil», no pueden ser metidas a la fuerza en el modelo deductivo y no recurren a leyes.

Goudge concluye su análisis considerando algunas objeciones posibles contra su modelo; la más importante es la siguiente:

supóngase una explicación narrativa de un fenómeno evolutivo concreto *E* y una posible condición suficiente de *E*, *s*. Seguramente podría argüirse que aquí hay una ley: siempre que se realice una condición de tipo *s*, existirá un fenómeno de tipo *E*. Más aún, se podría establecer la explicación en forma deductiva con *s* y esta ley, como premisas, y *E*, como conclusión. Por lo tanto, las explicaciones narrativas podrán siempre transformarse de forma tal que encajen en el modelo deductivo.

Goudge replica así a esta objeción:

> Siempre que se requiera una explicación narrativa para un suceso en evolución, el suceso no es un caso de una clase, sino un suceso singular, algo que ha sucedido sólo una vez y no puede volver a repetirse. No hay, por tanto, materia para ninguna generalización o ley. Lo mismo es válido para la explicación propuesta del suceso. Lo que buscamos formular es una secuencia temporal de condiciones que, tomadas como un todo, constituyan una única condición suficiente de *ese* evento. Esta secuencia nunca se repite probablemente, aunque sí puedan hacerlo varios de sus elementos. Cuando, por lo tanto, afirmamos: «*E* a causa de *s*» bajo las anteriores circunstancias, no nos remitimos a una generalización empírica (o ley): «siempre que *s*, entonces *E*». Desde luego nos remitimos al *principio lógico:* «si *s*, entonces *E*», porque es preciso aceptarlo para que podamos argüir: «*E* a causa de *s*». Pero el principio lógico no funciona como premisa en un argumento; la afirmación: «*E* a causa de *s*» no puede deducirse de él (Goudge, 1961, 77).

En otras palabras, por plausible que pudiera parecer esta objeción, Goudge defiende que, en realidad, no constituye un ejemplo contrario a su tesis.

Examinemos críticamente el segundo modelo que Goudge nos ofrece. Desafortunadamente, como en el caso de la explicación integradora, dado que el ejemplo de Goudge difiere tanto de las líneas maestras establecidas por su modelo, encuentro difícil tratar de criticar el modelo en abstracto. Volveré, por tanto, al ejemplo de Goudge acerca de un suceso que supuestamente requería una explicación narrativa: la evolución de los vertebrados terrestres; y veré si la explicación de Romer se entiende mejor referida al modelo narrativo o al modelo de ley-cubriente. Recordaré asimismo que Goudge da dos razones para preferir el modelo de explicación narrativa: la primera es que explicaciones como las de Romer, supuestamente no exigen leyes, y la segunda razón, que los evolucionistas dependen demasiado de términos como «podría» y «habría» para que sus explicaciones encajen en el modelo de ley-cubriente.

Ahora bien, debería señalarse inmediatamente que el ensayo de Romer sobre la evolución de los vertebrados terrestres, tomado *aisladamente* no llega a ser una explicación adecuada ni desde el punto de vista de la ley-cubriente ni desde el punto de vista narrativo. Es fácil ver que ello es así, tan pronto como recordemos que ambos modelos exigen condiciones suficientes (o casi suficientes). Romer no presenta nada parecido a una condición suficiente de la evolución de los vertebrados terrestres. Si las condiciones puestas por Romer —que hubo una sequía y que (inicialmente) los anfibios necesitaban agua— constituyeran juntas una condición suficiente (de la evolución de los vertebrados terrestres o siquiera del comienzo de tal evolución), entonces habría sido imposible que ocurriese algo distinto a que los anfibios comenzaran a desarrollar miembros terrestres, pues esto significa precisamente condiciones suficientes. Como hemos visto, *A* es condición suficiente de *B* significa que dado *A*, debe seguir *B*. Sin embargo, el desarrollo de los miembros no fue la respuesta única que *podrían* haber dado a las sequías organismos como los anfibios (esto es, organismos que necesitan agua); no fue, *de hecho*, la única respuesta de tales organismos ante las sequías. Otro grupo de organismos —los peces pulmonados— frente a una situación similar a la de los anfibios, desarrollaron la habilidad de permanecer, durante la sequía, en un estado de deshidratación y vida latente, enterrados en el barro del fondo de los remansos desecados. Cuando vinieron las lluvias, se reactivaron y continuaron su existencia acuática normal. Más aún, han estado haciendo esto durante millones de años. ¿Por qué no evolucionaron los anfibios de una manera similar, en lugar de recorrer el camino que de hecho siguieron? Mientras esta pregunta no sea contestada, no tendremos una condición suficiente del suceso evolutivo realmente ocurrido y, por lo tanto, la explicación, considerada a la luz de los dos modelos, no es totalmente adecuada. El hecho de que incluso Goudge esté dispuesto a admitir que la explicación en su estado actual no es completa, indica, a mi modo de ver, que nuestra conclusión es verdadera, porque, como vimos, él mismo destacaba la omisión de varios factores importantes, vitales para la existencia del fenómeno que estaba siendo explicado. Por ejemplo, una condición necesaria y omitida fue «la existencia de un grupo de peces funcionalmente capaces de moverse sobre tierra y genéticamente capaces de mejorar esta adaptación» (Goudge, 1961, 73).

Veamos un poco más en detalle algunas cuestiones que evoca Romer en su «explicación» y que sugieren que, a pesar de las condiciones presentadas por Romer, el proceso evolutivo de los vertebrados podría haber sido distinto del que realmente fue. Consideremos las tres preguntas siguientes: ¿por qué los anfibios serían simple y físicamente capaces de desarrollar miembros? ¿Por qué al comienzo fue para los anfibios tan importante permanecer en el agua? ¿Por qué, más tarde, aunque hubiese comida en tierra, los anfibios no permanecieron ya más atados a un medio acuático de lo que estuvieron? A menos que estas preguntas sean contestadas, no podrá afirmarse una condición suficiente de la evolución de los vertebrados terrestres. Sin embargo, y aquí se presenta una objeción crucial para la explicación narrativa, no alcanzo a ver cómo puede responderse a ninguna de las preguntas hechas, sin referirse a leyes. Considérese la primera pregunta —¿por qué los anfibios serían sencillamente capaces de desarrollarse?—. Para contestarla, aunque sea brevemente, deben necesariamente bosquejarse algunos de los principios de Genética (particularmente de Genética de poblaciones). Se debe explicar la naturaleza de las mutaciones y cómo afectan las características físicas de los organismos; cómo pueden pasar de una generación a la siguiente, y cómo estas nuevas características pueden extenderse a todo un grupo. Ahora bien, obviamente no podemos basar nuestra respuesta en la experiencia que tengamos de la evolución de los anfibios, sino en nuestro conocimiento de tales temas aplicados a los organismos contemporáneos, proponiendo como razonable aceptar que algo similar es valedero para los anfibios. Supondremos, por ejemplo, que la razón de la capacidad de desarrollar miembros que tuvieron los anfibios, no tuvo en absoluto nada que ver con necesidades de los anfibios mismos; razón que justificamos porque, hoy en día, ocurren mutaciones al «azar» (esto es, sin relación con las necesidades de sus posesores). Las suposiciones de esta naturaleza son claramente semejantes a leyes, por cuanto son generalizaciones presuntamente válidas aun en casos no examinados. Esto es, generalizaciones que pasan por empírica y nóminamente necesarias. Por lo tanto, parece que deberíamos recurrir a las leyes para contestar la pregunta de por qué los anfibios fueron capaces de desarrollar miembros y mientras esta pregunta no sea contestada, no habrá una condición suficiente de la evolución de los vertebrados terrestres. En casos tales, parece realmente que hacemos un doble recur-

so a las leyes: por una parte, debemos utilizar leyes para inferir que los organismos en cuestión tienen sistemas genéticos de los que participan los organismos actuales. A pesar de que aquí se requieren leyes, no entran, según mi opinión, en nuestra explicación en virtud de tal uso. Por otra parte, necesitamos recurrir a las leyes en nuestra explicación, pues la sola especificación de sistemas genéticos no constituiría una condición suficiente (en el sentido de «suficiente» que hemos precisado ya) del cambio evolutivo de los organismos. Dados solamente los sistemas, no debe seguirse cierto tipo de cambio, a menos que también supongamos leyes; pero observemos que la suficiencia se refiere precisamente al término «debe seguirse».

Considérese también la clase de respuestas que se darían a la segunda y tercera preguntas. Debe demostrarse por qué los anfibios estaban primero tan interesados en permanecer en el agua y por qué, más tarde, se liberaron del agua tanto como lo hicieron. Las respuestas a ambas preguntas girarán alrededor de la noción de «ventaja adaptativa» y demostrarán que el curso real de los acontecimientos fue, desde el punto de vista de la adaptación, preferible en tales circunstancias, a cualquier otro. Sin embargo, como hemos visto, hablar con conocimiento de causa de ventaja adaptativa presupone referirse habitualmente a uno de los conceptos claves de la teoría evolucionista, la selección natural, pues cuando se predica de algo que tiene una ventaja adaptativa, se está diciendo que la selección lo favorece. Pero, como también hemos visto, el pensamiento evolucionista moderno sitúa a la selección natural dentro de un sistema de leyes conocido como «Genética de poblaciones». De ahí que sea difícil ver cómo las respuestas a ambas preguntas podrían evitar hacer referencias bastante sustanciales a leyes biológicas básicas.

Sin entrar en más detalles, debe quedar claro por ahora que las tres preguntas formuladas sólo pueden ser contestadas recurriendo a varias leyes de la naturaleza. En otras palabras, si la explicación de Romer, según parece, debe considerarse adecuada, aun respecto al modelo de explicación narrativa de Goudge, debemos admitir que en ella existe una implícita referencia a leyes. Si no lo admitimos, deberemos entonces reconocer que no hay una condición suficiente (ni siquiera implícita) de la evolución de los vertebrados terrestres y que, por lo tanto, tampoco se da una explicación narrativa, como afirma Goudge. No obstante, si se concediese la

referencia a la ley, no parece entonces, desde este punto de vista, haber ninguna razón para preferir el modelo de explicación narrativa al modelo de explicación basado en la ley-cubriente. Podría decirse que Romer nos presenta un esbozo de ley-cubriente —las leyes están ahí, aunque ocultas; aceptar que no están presupuestas equivale a admitir que de la descripción superficial de un eclipse, con ligera carga teórica, puede concluirse que, en Física, no hay referencia a leyes. Los físicos no encabezan cada página que escriben con las leyes de Newton; tampoco los biólogos necesitarían encabezarla con las leyes de Darwin y Mendel, aunque no carece de importancia señalar que el más importante libro sobre evolución desde la segunda guerra mundial, escrito por un paleontólogo, Simpson, *The Major Features of Evolution (Las características principales de la evolución)*, comience con cinco capítulos sobre Genética. Y en efecto, el autor mismo define que su objetivo es, por un lado, «tratar de aplicar la Genética de poblaciones a la interpretación del registro fósil y, por otro, comprobar la validez más amplia de la teoría genética y extender su campo por medio del registro fósil (Simpson, 1953, ix). Tampoco carece de importancia que se incluya el análisis de Romer en un libro destinado al gran público no versado en Biología[1].

Goudge podría querer en este punto oponer una objeción. Aunque él mismo se esfuerza poco en desarrollar la noción de «condición suficiente», podría, no obstante, quejarse de que comúnmente se afirme que una condición suficiente, al faltar toda regla de inferencia, puede servir, *junto con las leyes,* como premisa de un argumento deductivo. (Obsérvese que en mi terminología, la condición suficiente por sí misma no puede servir como premisa de un argumento deductivo, esto es, que las leyes quedan incluidas como parte de la condición; en esto estriba la diferencia.) Así pues, Goudge podría argüir que la especificación de tal condición

[1] Quizá sea importante señalar de pasada que aun el propio Goudge admite que, en cierto sentido, es justo lo que estoy afirmando, pues concede que «los límites de las condiciones básicas de una explicación narrativa concreta contienen indudablemente una gran cantidad de información anterior —suposiciones, generalizaciones inductivas, etc...» (Goudge, 1961, 76). Sin embargo, prosigue citando a Popper, con que «si hay leyes implicadas, son tan triviales 'que no necesitamos mencionarlas y rara vez reparar en ellas'» (Goudge, 1961, 76). Si tengo razón en mis afirmaciones, las leyes implicadas están entonces muy lejos de ser triviales y haríamos bien en tomarlas en cuenta.

suficiente no requiere una referencia a las leyes. Por lo tanto, en un caso como el de la evolución de los vertebrados terrestres, necesitamos la especificación de la genética de los organismos en cuestión y no necesitamos agregar ninguna otra premisa que contenga leyes de genética. Sin embargo, esta precisión, a mi modo de ver, no beneficia demasiado a Goudge, pues hay una réplica obvia. Si se adopta la terminología de Goudge, se debe entonces continuar recurriendo a las leyes para saber si se ha conseguido realmente una condición suficiente (pienso que Gallie admite que las leyes son necesarias para saber si se tiene una condición necesaria). Nuestra explicación consiste ahora probablemente en especificar una condición concreta como *explanans* y, si somos renuentes a admitir leyes en el *explanans,* debemos usar una regla para que, si tenemos una condición de un tipo mencionada en el *explanans,* se cumplan, en virtud de ciertas leyes, otras condiciones, que formarán el *explanandum*. Sin usar tal regla (esto es, si se usa en su lugar un *modus ponens*), no hay razón alguna para suponer que el *explanans* sea de algún modo importante para el *explanandum* (no digamos importante desde el punto de vista deductivo). Presumo que Goudge, en virtud de su discurso sobre condiciones suficientes, pensará que un *explanans* debe ser importante, aunque debo confesar que no se muestra totalmente coherente en este punto. Ahora bien, mientras admitimos que no hay ninguna referencia a leyes en las premisas, tenemos argumentos-explicaciones que equivalen a argumentos de ley-cubriente, en cuanto que ambos se refieren esencialmente a leyes. De ahí que Goudge retorne a su punto de partida (Cf. si no Alexander, 1958, para la discusión de por qué es mejor considerar las leyes como premisas, más que como reglas de inferencia o principios que justifiquen tales reglas).

Goudge podría tener una salida sugiriendo que se puede tener una condición suficiente, en el sentido que él otorga al término, y, sin embargo, no tener que usar una regla que incorpore leyes o se justifique por ellas. De hecho, Goudge sale con esta respuesta; antes de analizarla, consideremos la segunda razón de Goudge para rechazar el modelo de ley-cubriente ante el modelo narrativo. (Al discutirla podemos tomar el término «condición suficiente» en el sentido de Goudge o en el mío.) La razón de Goudge —debe repetirse— gira alrededor de la imposibilidad de encontrar condiciones suficientes, necesarias y contribuyentes para formar

una condición suficiente de un fenómeno por explicar. Por eso, arguye que rara vez será posible encontrar todas las condiciones necesarias contribuyentes del fenómeno, si en absoluto se encuentran alguna vez. Por ello, los biólogos acaban con explicaciones *posibles,* en las que se emplean mucho los términos «podría», «habría», «debería». Por tanto, «es erróneo tratar de aplicar el modelo deductivo en este caso» (Goudge, 1961, 74-5).

Aun interpretando a Goudge con la mayor benignidad posible, es difícil dejar de ver que su crítica conviene a la explicación narrativa no menos que a la explicación basada en ley-cubriente. Hay quizás tres maneras de entender lo que Goudge escribe. Primero, Goudge podría simplemente estar señalando que, a menudo, los biólogos se encuentran con tantas incógnitas que, aun queriendo, no podrían proporcionar todas las condiciones contribuyentes y necesarias requeridas; lo más que pueden hacer es, por así decirlo, bosquejar las principales condiciones para que se puedan ver los lineamientos de una condición suficiente. Esta afirmación me parece verdadera; en *Darwin's Finches (Los pinzones de Darwin),* Lack admite que debe dejar fenómenos inexplicados. Lo que, sin embargo, no alcanzo a ver es que esta afirmación dé la razón a Goudge (y, lo que es más importante, condene el modelo de ley-cubriente). La explicación narrativa tanto como la explicación basada en ley-cubriente (y más que algunas versiones del modelo de ley-cubriente) exige una condición suficiente; si no la podemos dar, tendremos entonces sólo un esbozo. Sin embargo, esta conclusión es probablemente válida tanto para defender la explicación basada en ley-cubriente, como la explicación narrativa. De ahí que no haya ninguna razón especial para preferir este último tipo de explicaciones al primero.

Goudge podría querer decir una segunda cosa: que a menudo, los evolucionistas sólo pueden adelantar condiciones tentativas, esto es, condiciones que podrían posiblemente ser verdaderas, pero que sería temerario afirmar como definitivamente verdaderas. Sería evidentemente un poco ingenuo afirmar aquí que tengamos siquiera un esbozo de una explicación basada en ley-cubriente; respecto de este modelo, en efecto, apenas tenemos una vaguísima propuesta. Nuevamente, sin embargo, aunque estoy de acuerdo con que esto sucede a menudo, no alcanzo a ver que el argumento de Goudge refuerce su postura. Si no sabemos cuáles son las condiciones verdaderas, no alcanzo a ver tampoco cómo podemos

afirmar que tenemos una explicación narrativa. ¿Acaso Goudge pretende afirmar que la verdad o falsedad de las premisas es totalmente indiferente para una explicación narrativa (contrapuesta a la explicación basada en ley-cubriente)? Si así fuera, espero que nunca le escuche decir eso ningún biólogo.

Goudge podría querer decir una tercera cosa, todavía más drástica; podría estar diciendo que ocasionalmente (quizás, en efecto, a menudo) se pueden reunir sólo unas cuantas condiciones necesarias y contribuyentes de las requeridas, que no bastan para formar una condición suficiente. Más aún, podría estar diciendo que, en tales situaciones, aunque ello no pudiera nunca ser considerado como una explicación basada en ley-cubriente, una explicación narrativa puede rebajar sus exigencias para resultar una forma de explicación perfectamente adecuada, aunque no se acerque siquiera a una condición suficiente. Aunque esta interpretación entra en conflicto con lo que Goudge dijo antes sobre que las explicaciones narrativas requerían condiciones suficientes, le proporcionaría la posibilidad de trazar una línea neta de separación entre los dos modelos. Sugiero que, aunque Goudge preservara la autonomía de la explicación narrativa de este modo, lo ha logrado desafortunadamente a un precio demasiado alto, porque nos hace retroceder entonces a un modelo de explicación como el de Gallie, que adolece, como hemos visto, de gran debilidad. De ahí que esta interpretación de Goudge, como las otras dos, parezca fracasar en su intento de inclinarnos a su modelo de explicación narrativa. El modelo de ley-totalizadora parece el adecuado (aun en el caso de que Goudge trate de defender su modelo de explicación-integradora con argumentos similares).

Para acabar de ver la explicación narrativa, consideremos ahora la objeción hipotética que Goudge adelanta contra su postura y la réplica a la misma. (Esta réplica sería también la respuesta con que Goudge se defiende de mi sugerencia de que, aun eliminando de las premisas las leyes, se debe recurrir a leyes en las reglas de inferencia). La objeción contra la postura de Goudge supone que, si se provee (como lo hace Goudge) de una condición suficiente *s* para un suceso *E*, está entonces justificada la afirmación de la ley: «siempre que *s*, entonces *E*». Más aún, se afirma que esta ley puede funcionar como premisa en una explicación deductiva de *E*. Goudge replica que *s* y *E* son únicos e irrepetibles y, por lo tanto, no pueden formar parte de una ley. «Siempre que

se da una explicación narrativa de un suceso evolutivo, éste no es un caso de una clase, sino un caso individual, que ha ocurrido sólo una vez y que no puede repetirse. Por lo tanto, no hay materia para una generalización o ley». Como señalé anteriormente, esta razón subyace a muchos ataques al modelo de ley cubriente (esto es, ataques basados en la teoría evolucionista). Así pues, el argumento de Goudge merece una atención especial.

Ahora bien, concedo de inmediato que si los sucesos *s* y *E* son, de hecho, totalmente únicos e irrepetibles, la afirmación de Goudge de que los evolucionistas no tratan de hacer enunciados-ley, es exacta. Considérese, por un momento, el *esquema*-ley: «siempre que un caso *A* ocurre, un caso *B* ocurrirá también». Como hemos visto en el capítulo 2, aquí se afirma algún tipo de necesidad entre la ocurrencia de casos *A* y la ocurrencia de casos *B*. Además, aunque, en efecto, pueda ser cierto que casos *A* hayan ocurrido muy pocas veces, si, de hecho, han ocurrido alguna vez, queda (y debe quedar) abierta la posibilidad de que un caso *A* pudiera ocurrir frecuentemente, no sólo en el pasado, sino también en el presente y en el futuro. Tomemos por ejemplo la ley: «En todo cuerpo celeste que tenga el mismo radio que la Tierra y el doble de su masa, la caída libre desde el reposo responde a la fórmula $s = 32t^2$». Esta ley puede no haberse realizado nunca ni realizarse jamás, pero, sin embargo, por ser una ley, no hay impedimento lógico para que se realice repetidas veces. Si por alguna razón *A* fuera absolutamente de tal tipo, no podría entonces ser una ley de la forma «siempre que tenemos un caso *A*, tenemos un caso *B*». Pero, habiendo dicho esto, discutimos la afirmación de Goudge de que los sucesos evolutivos como los que estamos considerando, son del tipo que él ha caracterizado. Goudge afirma que son «únicos»; sugiero, sin embargo, que investigaciones más profundas revelan una ambigüedad en el término «único» y que, cuando esta ambigüedad se exponga, se constatará que la postura de Goudge está asentada sobre arena. En otras palabras, el enunciado: «siempre que *s*, *E*» es una ley (que preferiría enunciar así: «siempre que tenemos un caso *s*, tenemos un caso *E*»).

Consideremos un momento algunos significados del término «único» y veamos cómo se relacionan con la cuestión de si un suceso como la evolución de los vertebrados terrestres es único o no lo es, de tal modo que sus condiciones no puedan introducirse en una ley. (Mi examen de este punto está inspirado en el análisis

del término «único» que hace Gruner, 1969). Si se dice que un suceso o fenómeno es «único», se puede querer decir que no comparte con nada sus coordenadas espacio-temporales. La condición suficiente (según Goudge) de la evolución de los vertebrados terrestres es ciertamente única en este sentido; empero, esta clase de unicidad no es un impedimento para la aplicación de la ley, porque todo lo demás es único en este sentido. Todo péndulo simple tiene sus propias y únicas coordenadas espacio-temporales, y esta unicidad no nos impide afirmar la ley: «siempre que se tenga un péndulo simple, su período será proporcional a la raíz cuadrada de la longitud». Toda ley prescinde de coordenadas espacio-temporales en cuanto las ignora, como debe hacerlo. Consecuentemente, aunque casos del tipo *s* y *E* tengan sus propias y únicas coordenadas, esto en sí mismo no obsta para que formen parte de una ley. Con el término «único» podría también significarse que una cosa no tiene en absoluto nada en común con ninguna otra. Obviamente esa cosa no la podríamos incorporar a una ley. Sin embargo, las condiciones que condujeron a la evolución de los vertebrados terrestres, no son únicas en este sentido. Ha habido numerosas sequías y, como ya señalé, ha habido otros organismos que tuvieron que evolucionar para sobrevivir a tales sequías. Debemos, por consiguiente, mencionar otro sentido de «único», si hemos de dilucidar el significado especial en que puede decirse que las condiciones de la evolución de los vertebrados terrestres son únicas. Me parece bastante claro que «único» en este contexto significa que nunca antes (o desde entonces) hemos tenido tal particular *combinación* de condiciones: las sequías, los anfibios, el potencial genético, el alimento sobre tierra, etc. En este sentido, debemos estar de acuerdo en que las condiciones y el suceso que estamos considerando, son únicos. Queda por responder la cuestión de si este tipo de unicidad es un obstáculo a la aplicación de leyes. No alcanzo a ver que lo sea. Lógicamente hablando, parecería única e irrepetible solamente la particular conjunción de espacio y tiempo en tal combinación. Sin embargo, como acabamos de ver, este tipo de unicidad no implica ningún problema. Todas las otras condiciones podrían repetirse en la misma conjunción varias veces en este planeta y quizá (posibilidad no descabellada) en otra parte del universo. El hecho de que tales condiciones no se hayan combinado más de una vez no les impide ser una ley, así como el hecho de que probablemente nunca hayamos

tenido una combinación de moléculas que forme un cuerpo celeste con el mismo radio que la tierra y el doble de su masa, no nos impide llamar (propiamente) ley el enunciado: «en tal cuerpo, la caída libre desde el reposo responde a la fórmula $s = 32t^2$». Argüir de otro modo, me parece, requeriría un tipo de argumento ontológico inverso (que probara la necesidad lógica de la no-existencia de repeticiones de los principales sucesos evolutivos). Como dudo que tal argumento aparezca algún día, sugiero que no hay ninguna razón para que los evolucionistas no deban sostener la ley: «siempre que tenemos un caso *s*, tenemos un caso *E*». Los casos de *s* y *E* no son únicos de ninguna manera objetable.

Desde luego, admitiría que sería sumamente improbable que un evolucionista invocara realmente una ley tan amplia; la razón de ello, sin embargo, es la complejidad de su material, no la existencia de alguna objeción lógica. Ese evolucionista querría expresar un *explanans* detalladamente, pero si lo llegase a lograr alguna vez, combinando premisas, podría enunciar una ley tal que abarcara todo. Y me parece más probable que recurriese a tal ley, a que intentase seguir alguna vez el problema de acción sugerido por Goudge. Estoy indicando que ese evolucionista debería establecer su explicación de la siguiente manera:

Explanans	un caso de *s*
	siempre que tenemos un caso de *s*, tenemos un caso de *E*
∴ *Explanandum*	∴ Caso de *E*

La alternativa que ofrece Goudge es la siguiente:

Explanans	*s*
∴ *Explanandum*	∴ *E*

Ahora es claro que ambos debemos contar con una regla de inferencia para pasar del *explanans* al *explanandum*. La regla usada en mi formulación es la obvia del *modus ponens*, regla corriente para quien utiliza argumentos formales. Goudge admite la necesidad de alguna regla para su formulación y afirma que los evolucionistas se apoyan en el principio lógico: «si *s*, entonces *E*». En otras palabras, arguye que los evolucionistas usarán la regla de

que, si se tiene *s*, es lícito afirmar *E*. (Para aclarar su postura, Goudge cita el bien conocido ensayo de Ryle: '«Si», «Así» y «Porque»', donde se afirma que 'cuando entiendo que «si *p*, entonces *q*», entiendo también que estoy autorizado a argumentar: «*p*, por lo tanto, *q*», con tal de que mi premisa «*p*» se dé'). Pero, aunque Goudge tuviera razón en afirmar que «siempre que *s*, *E*» no es una ley, queda todavía por demostrar que los evolucionistas deberían justificarse por usar una regla tan esotérica. Pero Goudge no emprende esta tarea y como *s* es (supuestamente) único, es difícil ver cómo podría realizarla. (Por su argumento sobre la unicidad ha excluido cualquier recurso a leyes).

En breves palabras, Goudge ha argumentado que *s* es una serie de condiciones, única e irrepetible y, sin embargo, afirma también que, dentro del aparato lógico de los evolucionistas, precisamente para esta ocasión, está la regla de que si se tiene *s*, se puede entonces afirmar inmediatamente *E* —regla bastante desconocida que no usan ni los lógicos ni ningún otro científico—. La verdad de tal afirmación parece tan poco plausible que, aunque no sea sino por esta razón, debería tomarse con mucha suspicacia la postura de Goudge. Por mi parte, admitiendo que la explicación de Romer es una típica explicación evolucionista, respecto de Goudge encuentro que su modelo narrativo es completamente inadecuado para entender una explicación evolucionista.

5.4. Consideraciones finales sobre las explicaciones evolucionistas

Obviamente más importante que mostrar que Gallie y Goudge están equivocados, es la tarea de proporcionar el modelo correcto de explicación evolucionista (junto con las razones convincentes que nos obliguen a aceptarlo). He argumentado que no alcanzo a ver ninguna razón válida para rechazar el modelo de ley-cubriente; he tratado, además, de mostrar las dificultades que surgen, cuando se prescinde de los dos requisitos principales del modelo: la búsqueda de condiciones suficientes (o cuasi-suficientes) y el uso de leyes. Sin duda, podría argüirse que no he demostrado que una explicación *deba* contener una condición suficiente en el *explanans*; pienso, sin embargo, que sí he demostrado que se debe caminar en esta dirección. Debo confesar que yo mismo no comprendo cómo alguien podría negarse a recorrer este camino. Sólo se podría

eludir esta conclusión, me parece, si tuviéramos un argumento que demostrara que algunas condiciones necesarias son más importantes que otras y que esas importantes condiciones necesarias pueden bastar para explicaciones adecuadas y completas. Empero, es difícil definir «importante» en este contexto sin recurrir implícita o explícitamente a la suficiencia. Nadie ha hecho esto y demostraré brevemente con tres razones por qué intuitivamente dudo que pueda hacerse. Por ello, me inclino al modelo de ley-cubriente en esta discusión y también, en parte por ello, arguyo, como lo hice en el capítulo 4, que la teoría evolucionista es un bosquejo hipotético-deductivo.

Con mis argumentos sobre la importancia de condiciones suficientes, pienso haber demostrado la referencia implícita a leyes (especialmente a las de la Genética de poblaciones) en todos los ejemplos de explicaciones evolucionistas que han presentado los críticos del modelo de ley-cubriente, así como, a falta de leyes, la dependencia de esotéricas reglas de inferencia. Más aún, prescindiendo de este punto, pienso sinceramente que si algunos filósofos leyeran unos cuantos estudios evolucionistas técnicos (más bien que ensayos de divulgación para el público no científico), encontrarían que muchas referencias a leyes son más explícitas que implícitas; esto sucede ciertamente en la obra de evolucionistas como Simpson y Dobzhansky.

He tratado de destacar finalmente que muchas dificultades de las explicaciones evolucionistas provienen de ambigüedades en el uso del término «único». Cuando los críticos del modelo de ley-cubriente arguyen que los fenómenos evolucionistas son únicos, no se percatan de que el sentido en que estos fenómenos son únicos es demasiado débil para sostener las conclusiones que ellos quieren deducir.

Personalmente encuentro que los argumentos de este capítulo —que no me parecen ciertamente muy originales—, son bastante convincentes. Además, para atar cabos sueltos dejados a lo largo del capítulo anterior, sugiero que podríamos ver ahora con mayor claridad cómo la teoría evolucionista presupone la Genética de poblaciones y se unifica gracias a ella. La explicación de la evolución de los anfibios tiene exactamente la misma relación con la Genética de poblaciones que la explicación de los pinzones de Darwin. Sin embargo, estoy seguro de que muchos lectores no se sentirán abrumados por mi lógica. Posiblemente pensarán que, aun cuando

los ejemplos considerados implican todos un recurso a leyes, es todavía lógicamente posible tener una explicación evolucionista sin leyes (Scriven, 1959, por ejemplo, niega que las leyes tengan un papel en las explicaciones evolucionistas, aunque les conceda un rango de leyes relativamente bajo.) De mayor importancia y quizá más general, puede ser todavía la molesta sospecha de que, aunque no se haga ninguna especificación arbitraria de condiciones necesarias, se llega a un punto donde no es necesario (para una buena explicación) especificar condiciones necesarias adicionales. Por ello, antes de concluir este capítulo, me gustaría dar tres razones más de por qué intuitivamente encuentro más aceptable suponer que el modelo de ley-cubriente, en comparación a los otros modelos, es el guía adecuado para las explicaciones evolucionistas. La primera fuente de mi intuición es el hecho de que los evolucionistas presentan realmente a veces explicaciones basadas en la ley-cubriente. Como hemos visto, para fenómenos relativamente simples como casos de polimorfismo equilibrado, se dan explicaciones que contienen leyes en el *explanans* y, del *explanans,* se infiere hasta deductivamente los *explananda*. Si los evolucionistas no dieran nunca explicaciones basadas en la ley-cubriente (o explícitamente nunca recurrieran a leyes en lo que he llamado sus «bosquejos»), el ataque de los críticos podría entonces ser más sólido. En segundo lugar, como vimos al principio del capítulo 4, para entender la moderna teoría evolucionista, es vital la premisa de que los cambios evolutivos a gran escala no implican nada que no deba ser encontrado en los cambios a pequeña escala. Indudablemente, aun cuando quedaran implicados nuevos principios en los cambios a gran escala, ello no significaría necesariamente que se requiriera un nuevo tipo de explicación. Por otro lado, como se nos ha dicho que exactamente las mismas fuerzas actúan en todos los casos, grandes o pequeños, no alcanzo a ver por qué el tipo de comprensión requerida para todos los casos pudiera ser alguna vez diferente. (Acabo de destacar precisamente que la comprensión presentada de los casos a pequeña escala parece una comprensión basada en la ley-cubriente.) En tercer y último lugar, mi intuición acerca de la naturaleza de una explicación evolucionista proviene del conocimiento de que los seguidores del modelo ley-cubriente pueden suministrar muy buenas razones que explican por qué, de hecho, los evolucionistas no dan siempre explicaciones basadas en ley-cubriente. Faltan muchas pruebas re-

queridas para dar explicaciones completas, basadas en ley-cubriente; pero si estuvieran disponibles, abrumarían a los evolucionistas con su peso. Si todas las pruebas requeridas (y el tiempo) estuvieran a nuestra disposición y los evolucionistas las rechazaran, entonces mis simpatías por los críticos del modelo de ley-cubriente se acrecentarían. No siendo esto así, mis simpatías se desvían a otra parte, pues, aparte lo demás, como vimos en el capítulo 4, el descubrimiento de nuevas pruebas (por ejemplo, los hechos de la herencia) parece tener la función directa de incrementar, en los estudios evolucionistas, las ejemplificaciones de argumentos basados en el tipo de ley-cubriente.

Hay que mencionar finalmente dos puntos: primero, acabo de dar un argumento, basado en inferencias de la parte al todo; de cambios evolutivos a pequeña escala a cambios a gran escala. Por muy sugerentes que tales argumentos sean, podría dudarse de que sea verdadero que cambios evolutivos a gran escala impliquen algo de lo que ocurre a pequeña escala. Por ejemplo, se puede hablar con sentido de una «tendencia» que dura millones de años (digamos, de un tamaño pequeño a uno grande). Sin embargo, si se consigue el cambio en un par de generaciones, éste no sería una «tendencia», sino —en el mejor de los casos— un «salto». Por lo tanto, algunos hechos que ocurren necesariamente a gran escala, no suceden a pequeña escala.

No creo que esta crítica sea muy inquietante. Después de todo, en Física se da una situación semejante, sin que ello obligue a ningún cambio en la forma de la explicación. Si un planeta recorre dos pies, es difícil que describa una «órbita», aunque la forma de explicación es la misma para cualquier distancia del trayecto. Lo cierto es que las tendencias y otras «totalidades» que ocurren sólo en cambios a gran escala, pueden ser analizadas completamente como «partes» que ocurren en cambios a pequeña escala. Una tendencia no es más que la suma de cierto número de pequeños cambios diseminados a lo largo del tiempo. Ahora bien, si las partes pueden ser explicadas con una explicación basada en ley-cubriente, lógicamente se deduce entonces que la conjunción de las partes *puede* también ser explicada; el problema radica en determinar si *necesitan* ser explicadas así[2].

[2] Obsérvese que no estoy diciendo aquí que toda totalidad biológica no sea más que la suma de sus partes; concretamente no estoy afirmando que,

En segundo lugar, mencionaría, sin desear retractarme en ningún sentido, que en este capítulo he afirmado la más sólida entre dos opciones abiertas ante mí. Podría haber argumentado solamente con una afirmación derivada de mi afirmación primera, más que argüir que las explicaciones evolucionistas son, en cierto sentido, explicaciones de ley-cubriente; podría haber afirmado simplemente que las explicaciones evolucionistas no difieren esencialmente de las explicaciones de las ciencias físicas. Muchos filósofos creen firmemente que el modelo de ley-cubriente no es siempre el adecuado, ni siquiera para las ciencias físicas. A ellos ofrezco la opción más débil (aunque pienso que debe tomarse la más sólida). Y sugiero que, aunque podamos haber visto alguna otra cosa, no hemos encontrado nada que justifique una división entre explicaciones evolucionistas y explicaciones físicas o químicas.

Escribir más sobre la explicación sería ocioso en este momento. Empezaré, pues, con el último capítulo que se ocupa directamente de la teoría evolucionista; allí pondré de relieve un problema estrechamente relacionado con algunos puntos que ya han sido destacados.

---

cuando las partes son moléculas, la totalidad sea la suma de estas partes. Lo que digo es que, cuando se trata de cosas como las tendencias, cuyas partes son biológicas, la totalidad no es más que la suma de las partes.

Capítulo 6

LA TEORIA DE LA EVOLUCION

III PRUEBAS

Casi sin excepción los actuales evolucionistas aceptan la teoría sintética de la evolución, la teoría de la evolución discutida en los capítulos precedentes. Esto no significa que acepten sin ninguna crítica todas las afirmaciones de la teoría; en efecto, como traté de subrayar, no hay, en cierto sentido, parte de la teoría inmune a un intento de cambio. La Genética, por ejemplo, se ve influida por los estudios de Biología molecular (que se discutirán en el capítulo 10) y los mismos genetistas de poblaciones están tratando de limar algunas asperezas de sus tempranos esfuerzos; trabajan asiduamente, por ejemplo, en liberarse del pensamiento genético del «saco de judías» que trata (falsamente) de los genes como unidades independientes de la célula, que afectan al fenotipo separada e independientemente. (Sin embargo, cf. Haldane, 1964.) Más aún, algunas partes de la teoría sintética son todavía muy controvertidas; recientes disputas se han centrado en la posibilidad de un cambio genético brusco, en la importancia del principio fundador, en la posibilidad del aislamiento reproductivo que no va acompañado de un aislamiento geográfico y en la cuestión de si la selección puede ser, en general, asunto del grupo más bien que del individuo (Williams, 1966, analiza muchas de estas discusiones. Bowman, 1961, a nivel más concreto, ha desafiado a Lack a propósito de varias afirmaciones sobre los pinzones de Darwin). Sin embargo, a pesar de este debate —que seguramente es común a todas las

ciencias actuales—, a mi modo de ver, no hay evolucionista que afirme que los puntos esenciales de los mecanismos verdaderos del cambio evolutivo sean aún desconocidos. La evolución es, para decirlo llanamente, el resultado de la selección natural que actúa sobre las mutaciones fortuitas.

Ante esta unanimidad, por consiguiente, es un tanto sorprendente que muchos filósofos que comentan la teoría, piensen que su verdad básica sigue abierta todavía a un cuestionamiento serio. No parece haber ninguna razón para este cuestionamiento de la teoría; sin embargo, un obstáculo primario para aceptar la teoría es al parecer una concepción bastante corriente acerca de la naturaleza de la comprobación de una teoría. Se piensa que para comprobar una teoría *T*, esto es, encontrar pruebas en favor de T, debemos hacer algunas predicciones basándonos en *T*. Si las predicciones resultan falsas, tenemos entonces, una prueba en contra de *T*. Se une además a esta concepción el hecho de que (aparentemente) la teoría evolucionista tiene un bajísimo poder de predicción. Sea cual sea la postura ante el modelo de explicación evolucionista, nadie pretendería que podemos predecir la evolución futura, por ejemplo, de los elefantes. Y aunque pudiéramos, nadie estaría presente para controlar las predicciones. Por lo tanto, ni en principio, ni en la práctica se puede demostrar la falsedad de la teoría y, contrariamente, tampoco darse una prueba auténtica en su favor.

Así, por ejemplo, como hemos visto, Manser arguye que todas las teorías nos ofrecen un cuadro del proceso de evolución, que las predicciones son imposibles y que, por tanto, las pruebas de la teoría no existen. En su opinión, esto es aceptado porque, además de ser analítico, «nunca ha tenido que enfrentarse con una oposición científica seria» (Manser, 1965, 18) y cuando ha surgido esta oposición, ha sido reducida «posiblemente sobre la base de pruebas inadecuadas» (Manser, 1955, 18). Goudge, más favorable a la teoría sintética, piensa, en el mejor de los casos, que la teoría evolucionista nos da predicciones negativas que nos dicen lo que *no* ocurrirá (Goudge, 1961, 78). Y lejos de sentirse afectado por la falta de oposición a la teoría sintética, piensa al parecer que una de las rivales de ésta, la llamada teoría «de los saltos», podría sin duda ser correcta. «Un filósofo que investigue los pros y los contra de esta controversia no se siente capaz de inclinarse más a un lado que a otro. La única conclusión razonable es, al parecer, que consideraciones tan avanzadas no permi-

ten tomar una postura definitiva» (Goudge, 1961, 51). Himmelfarb arguye que una teoría darwiniana, es decir, una teoría evolucionista basada en la selección natural, es válida sólo porque Darwin inventó una nueva lógica: una «lógica de posibilidad». «Distinta a la lógica convencional, donde el conjunto de posibilidades no da por resultado una posibilidad o probabilidad mayor, sino una menor; la lógica del *Origin* (El Origen) acepta que las posibilidades se agreguen unas a otras para producir una probabilidad» (Himmelfarb 1962, 334). Barker, 1969, recogiendo juiciosamente lo que considera la base común de la teoría de Darwin y la teoría moderna, presenta una casi increíble deducción trascendental del hecho: la teoría (¿de quién?) no sólo es infalseable, sino que no puede tener rivales. Y Carlo escribe: «La prueba en favor de la teoría evolucionista no ha sido nunca completamente satisfactoria. Estrictamente hablando, la evolución aún tiene que ser científicamente probada» (Carlo, 1967, 120).

Este capítulo tiene la finalidad de demostrar que estos críticos están completamente equivocados. Comenzaré por discutir la prueba en favor del cuerpo central de la teoría, en particular daré a la prueba primero el enfoque del estudio de poblaciones silvestres de organismos y luego el de las poblaciones cautivas. Después consideraré tres teorías rivales de la evolución y evaluaré éstas y la teoría sintética a través de las áreas evolucionistas de la Morfología, Sistemática y Paleontología. Finalmente, consideraré brevemente la causa del extravío de algunos críticos. Cuando haya terminado, espero haber demostrado que la confianza de los evolucionistas en su teoría está plenamente justificada, aunque trataré de no minimizar las áreas controvertidas. En efecto, parte de mi plan es demostrar la magnitud de los problemas encontrados en los experimentos de evolución, que a menudo hacen extremadamente difícil tomar una decisión definitiva sobre temas concretos de la controversia evolucionista dada en los confines de la teoría sintética[1].

[1] Excelentes análisis sobre las pruebas de la teoría evolucionista pueden encontrarse en Ford, 1964, y Dobzhansky, 1970. En efecto, estos dos libros juntos ilustran perfectamente los puntos básicos que quiero establecer en este capítulo. Ninguno de los autores duda de las afirmaciones fundamentales de la teoría sintética —la selección natural que actúa a través de mutaciones fortuitas—, pero difieren significativamente en la defensa de detalles específicos dentro de la teoría.

6.1. *Cambio hereditario en poblaciones silvestres*

Sabemos ahora que la Genética —principalmente la Genética de poblaciones y más generalmente, la Genética mendeliana— es el centro de la moderna teoría de la evolución. Las pruebas en favor de la Genética mendeliana son, por lo tanto, pruebas en favor de la teoría evolucionista. Las pruebas en favor de las partes centrales de la Genética mendeliana (es decir, las partes que tratan del individuo) son de dos tipos: las primeras, que llamo directas, son las pruebas citológicas; las segundas, indirectas, las pruebas que tenemos de la transmisión de caracteres fenotípicos. Ahora bien, admito (como antes) que algunas leyes de Genética (las leyes de Mendel, en particular) tienen excepciones, pero señalaría (de nuevo como antes) que estas excepciones no son más numerosas que las que se encuentran en las ciencias físicas y que, por lo tanto, en conjunto, sería imposible pensar en pruebas más sólidas o más amplias en favor de una teoría que las existentes en favor de las partes de la Genética mendeliana que tratan del individuo. Por consiguiente, como el núcleo de la Genética mendeliana aparece relativamente poco problemático (desde el punto de vista de nuestra actual discusión), pasemos al área donde surgen problemas más interesantes, a la Genética de poblaciones.

Hemos visto ya algunas pruebas a favor de las tesis de la Genética de poblaciones, pues el estudio de grupos sanguíneos de Race y Sanger apoya obviamente a la ley de Hardy-Weinberg (aunque, a mi parecer, la mayoría de los biólogos pensarían que el mejor apoyo de la ley H-W proviene indirectamente de las leyes de Mendel). Hay, empero, otro tipo de pruebas de la Genética de poblaciones que no ha sido aún discutido: las pruebas del cambio *hereditario* de grupos en largos períodos de tiempo, donde la situación es todavía con frecuencia, demasiado compleja para un análisis formal detallado. En esta sección, preguntemos qué pruebas podrían dar los evolucionistas de tales cambios hereditarios ocurridos en poblaciones de organismos silvestres. En la siguiente sección, preguntemos qué pruebas referentes a los problemas básicos de cambios hereditarios de grupo pueden arrojar los experimentos controlados sobre poblaciones en laboratorios y zoológicos, por ejemplo.

Ahora bien, tan pronto como comenzamos a considerar la cuestión del cambio hereditario en grupos silvestres, porque la teo-

ría evolucionista afirma que el cambio hereditario significativo tiende a ser lento y gradual, varios factores se vuelven importantes. Por ejemplo, a menos que haya organismos que se reproduzcan bastante rápidamente, no es probable que el cambio hereditario se note. De ahí que organismos con sólo dos o tres generaciones por siglo, no puedan probablemente ser nunca provechosamente estudiados (a menos que, por alguna razón, se guarden registros muy detallados, como en el caso del hombre). Es también una ayuda que los organismos estén bajo severas presiones selectivas, pues mientras más devastadora es la falta de adaptaciones correctas, los genes más aptos se extienden más rápidamente. Sin embargo, a pesar de factores tales que tienden a reducir la probabilidad de hallar registros de cambios evolutivos, parece haber una conjunción de circunstancias bastante favorables para facilitar en esta ocasión, a los evolucionistas el hallazgo de pruebas inequívocas de cambios hereditarios ocurridos en las poblaciones silvestres. Además estos cambios hereditarios son, como lo predice la teoría sintética, primariamente una función de la selección natural. Veamos con algún detalle el caso más conocido: el melanismo industrial en las polillas. (Pueden encontrarse datos muy detallados en Ford, 1964.)

Hace cien años, la polilla de la pimienta, *Biston betularia,* era casi por entero moteada. Sin embargo, al pasar los años, en áreas industriales comenzó a hacerse cada vez más común una forma de polilla afectada de melanina (es decir, negra) hasta el punto de que es hoy la forma ordinaria en algunas partes. Como se sabe que esta forma melánica se debe básicamente a un solo gene dominante, tenemos aquí claramente un cambio hereditario ocurrido en una especie. Más aún, la causa de este cambio, por mucho tiempo sospechada, está ahora definitivamente establecida. Uno de los más grandes peligros al que se enfrentan las polillas es ser devoradas por depredadores como los pájaros. Cuando los árboles están limpios, la polilla moteada queda mejor camuflada entre los líquenes de la corteza del árbol, que la polilla melánica; en cambio, cuando los árboles están manchados de hollín, la polilla melánica tiene una ventaja adaptativa. Por consiguiente, como a causa de la revolución industrial, los árboles (de las ciudades) se volvieron cada vez más sucios, el balance de adaptación fue favorable a la polilla melánica sobre la moteada y hubo consecuentemente, una evolución de ésta a la melánica.

Este fenómeno ocurrido en las polillas, aunque deberíamos conceder que su significación total es limitada, debe ser, a mi modo de ver, una prueba muy neta en favor de los principales asertos de la Genética de poblaciones y, por lo tanto, en favor de la teoría sintética de la evolución. Sin embargo, por lo menos un filósofo, Manser, piensa de otra manera, pues arguye que la información que acabamos de dar sobre la evolución a la forma melánica, «es sólo una descripción expresada en términos con ligera carga teórica, que tiene la apariencia de una explicación científica de pleno derecho. Si no se hubieran presentado formas mutantes y la especie se hubiera extinguido como resultado del cambio de circunstancias, la polilla moteada no se habría adaptado. No podemos usar la información obtenida para predecir qué pasará cuando aparezca una nueva característica del entorno de una especie diferente, ni tampoco qué pasará si hay otro cambio en el entorno de las polillas originales. Todo lo que podemos hacer es esperar que transcurra suficiente tiempo para que el estado de las cosas se estabilice y decir entonces, si la especie en cuestión era adaptable o no» (Manser, 1965, 25-6). Por la razón expuesta, Manser piensa al parecer que el ejemplo ha sido moldeado para que encaje en la teoría sintética de la evolución. No proporciona ninguna prueba verdadera de la teoría y tampoco puede dar apoyo empírico a la teoría.

Dos parecen ser las cuestiones planteadas por la crítica de Manser. En primer lugar, ¿pueden los sucesos pretéritos probar una teoría (o los eventos que sólo fueron descubiertos cuando ya habían pasado, pueden apoyar una teoría)? ¿Debe, por tanto, una teoría depender meramente del apoyo que le den las predicciones acerca del futuro? Si esto es verdad, el ejemplo de las polillas no es entonces, ciertamente una prueba de la teoría evolucionista, ni siquiera un ejemplo. En segundo lugar, ¿hay algo en *este* ejemplo de la supuesta evolución de las polillas que sea en sí mismo motivo de sospecha? ¿Hay alguna razón en contra de que este ejemplo proporcione una prueba empírica genuina a la teoría de la evolución?

Ninguna respuesta a estas preguntas apoya la postura de Manser. En otras palabras, tenemos aquí una prueba genuina en favor de la teoría. Considérese la primera pregunta. Es obvio que sucesos pasados pueden ser usados para confirmar una teoría. Por ejemplo, si con la ayuda de la teoría newtoniana, inferimos que hubo un

:clipse cuya existencia es después confirmada por los testimonios le testigos presenciales fidedignos encontrados en un archivo histó-:ico, ello es una prueba de la teoría tan válida como la inferencia le un eclipse futuro cuya existencia será más tarde confirmada nediante testimonios de testigos presenciales. La confirmación) refutación de teorías no depende del tiempo exacto en que)curren los sucesos, sino más bien de la relación entre el suceso / la teoría. Específicamente ¿se sigue de ésta, en algún sentido, ına descripción del suceso? (Ello no niega que nuestra fe en a teoría se incremente si el suceso es inesperado.) De ahí que,)or esta razón, no haya nada sospechoso en utilizar el cambio :volutivo de las polillas como prueba de la teoría de la evolución. Respecto a la segunda cuestión, las dudas de Manser sobre la /alidez del ejemplo en discusión parecen provenir de la idea equivo-:ada de que la selección natural es fundamental e inevitablemente autológica. Piensa, al parecer sin más argumentos, que las polillas ıegras están analíticamente definidas como las más aptas, porque :recen en número. Empero, a pesar de lo que Manser piensa, as polillas negras no fueron definidas circularmente como las nás aptas, aunque, en efecto, los evolucionistas sospecharon que :ran las más aptas, porque parecían tener más éxito, y eso fue odo. Los evolucionistas continuaron investigando las causas de a aparente aptitud de las polillas negras, algo que hubiera sido otalmente innecesario si sólo se tratase de una definición. Kettle-vell, 1955, condujo varias pruebas que demostraron más allá de oda duda razonable que, por una parte, uno de los principales)eligros para las polillas era ser devoradas por los pájaros y,)or otra, que, cuando los árboles se cubren de hollín, el camuflaje le las polillas negras les otorga una ventaja selectiva. En otras)alabras, probó tanto la existencia de una supervivencia diferencial de la que se pueden hacer inferencias sobre una reproducción liferencial), como que lo que incrementa la adaptación en otras :ircunstancias es lo que la incrementa en esta (en concreto, la :aracterística de camuflarse). Por lo tanto, a pesar de las afirmacio-ıes de Manser, parece que tendríamos aquí un ejemplo que apoya anto los hechos evolutivos en general, como la teoría sintética :n particular, porque se ha demostrado que hay un tipo de uniformi-lad que sirve de base a las generalizaciones inductivas, que, como eñalé anteriormente, subyacen a las afirmaciones empíricas de os evolucionistas acerca de la selección y la adaptación.

Este caso no es único; se conocen numerosos casos similares. Por ejemplo, los conejos han desarrollado una inmunidad genética a la mixomatosis, los virus que desarrollan una resistencia a las medicinas (en realidad, algunos virus sólo pueden existir ahora *en presencia* de medicinas que se introdujeron para eliminarlos). Parece asimismo claro que el hombre ha sufrido cierta evolución en los últimos tiempos (Dobzhansky, 1962). En particular, por los efectos mortales de la tuberculosis (intensificados por traslados a las ciudades actuales), parece que, en los últimos 200 años, el hombre ha evolucionado a una forma más resistente al bacilo de la tuberculosis (en virtud de que los individuos más expuestos al bacilo tuvieron menos descendencia). Sin embargo, en todos estos casos, incluido el de las polillas, no debería afirmarse demasiado. En concreto, la cantidad de cambio evolutivo implicado es muy pequeño; en efecto, en el caso de las polillas, este cambio no supera en mucho el mínimo que puede dar un gene. De ahí que, si alguien adelantara una teoría (que, como veremos dentro de poco, ya se ha adelantado) que admita la posibilidad de pequeños cambios debidos a la selección, pero niegue que los cambios a gran escala tengan la misma causa —pruebas del tipo que hemos venido precisamente considerando—, sería incapaz de decidir si opta por ésta o la teoría sintética. Posiblemente este tipo de situación sea suficientemente común como para que valga la pena señalarla. En muchas áreas, las pruebas en favor de una teoría (en particular, la teoría sintética) y en contra de todas y cada una de las demás, no son siempre de tanto peso. Solamente cuando se consideran las pruebas en conjunto y, más particularmente, las afirmaciones centrales de la Genética, se reconoce que únicamente la teoría sintética recibe positivo apoyo de todas las áreas de estudio evolucionistas. Como veremos, *todas* las demás teorías topan con obstáculos insuperables que les presenta al menos un área (en primer lugar, todas hacen afirmaciones insostenibles sobre Genética) y frecuentemente no dicen nada de otras áreas importantes.

6.2. Cambios hereditarios en poblaciones cautivas

Para examinar las pruebas que provienen del estudio de poblaciones cautivas, es necesario primero distinguir entre *selección artificial y selección natural*. Ambos tipos de selección implican la reproduc-

ción diferencial, pero, mientras la selección natural es por entero función de caracteres del organismo y de la reacción recíproca de los organismos y frente al medio ambiente, la selección artificial ocurre solamente cuando hay un agente racional que trata conscientemente de influir en las probabilidades reproductivas de un organismo más que en las de otro. Es el tipo de selección que se da cuando el criador trata de mejorar su ganado o el experto trata de mejorar la especie particular de organismos que constituye su afición. Obviamente puede haber selección natural sin selección artificial; como los planes del hombre fracasan a menudo y los animales de concurso se vuelven estériles, la selección artificial suele comúnmente ir acompañada de cierta selección natural.

Atendiendo a esta distinción entre los dos tipos de selección, hay, a mi modo de ver, tres cuestiones pertinentes sobre las pruebas evolucionistas que deben recogerse de las poblaciones cautivas. Primero, ¿puede la selección artificial, hecha puramente por razones prácticas o estéticas, apoyar, sin embargo, las afirmaciones de la Genética de poblaciones y, más generalmente de la teoría evolucionista? En segundo lugar, ¿se pueden realizar experimentos de selección artificial que apoyen la teoría sintética y la selección natural? En tercer lugar, ¿se puede llevar a cabo la selección natural en entornos artificiales? Si se puede, ¿qué apoyo daría esto a la teoría sintética? Examinemos, por turno, estas cuestiones.

Respecto a la cuestión del valor de la selección artificial practicada puramente como negocio o por placer, no puede negarse que efectivamente se ha pensado que tal selección es importante para, al menos, una teoría evolucionista basada en una forma de selección natural. Charles Darwin dedicó todo el primer capítulo de su *Origin of Species (El Origen de las especies)* a discutir tales casos de selección artificial y afirmó que éstos apoyaban sólidamente su teoría. Por ejemplo, cuando escribe acerca del caso del hábil criador (de palomas): «Por lo menos, se podría elegir en conjunto una veintena de palomas que un ornitólogo, a mi modo de ver, ordenaría en especies bien definidas, aunque al serle mostradas se le dijera que se trata de pájaros silvestres. Más aún, creo que ningún ornitólogo colocaría la mensajera inglesa, la volteadora de cara corta, las palomas *runt, barb, pauter* y *fantail* en el mismo género... «(Darwin, 1959 ed. 97.) Darwin fue ya capaz de demostrar que, en realidad, todas estas diferentes castas de paloma silvestre han descendido de una especie de paloma silvestre y solamente

de una. Por ello, afirmó que, como la selección artificial puede tener un efecto tan severo en los caracteres de una población de organismos, era razonable suponer que la selección natural pudiera tener un efecto similar. Y así preguntaba: «¿Puede el principio de selección, que tan potente es en manos del hombre, como hemos visto, aplicarse en la naturaleza? Mi opinión es que lo veremos actuar con la máxima efectividad» (Darwin, 1959 ed. 163).

Está claro, al parecer, que Darwin tenía razón al citar la diversidad de las palomas como una prueba de su teoría y que también nosotros tendríamos razón al citar este caso como una prueba de nuestra teoría basada en la selección natural; el problema pendiente es precisamente hasta dónde se extiende el valor de tal prueba. Para responder a esta cuestión, consideremos la similitud entre la selección artificial y la selección natural. En ambos casos, tenemos sólo una fracción de reproductores potenciales que realmente se reproducen y tienen una descendencia totalmente viable. Pero estos casos de selección artificial muestran que el efecto acumulativo de esta reproducción diferencial puede ser muy grande, aunque las diferencias entre los organismos exitosos y los fracasados puedan ser muy leves. De ahí que, dada una reproducción diferencial, no hay necesidad de hacer hipótesis sobre la existencia de grandes variaciones para que se produzcan grandes cambios generales. Sin embargo, como la selección natural es también un tipo de reproducción diferencial, parece, por lo tanto, legítimo reivindicar esta conclusión para la selección natural sobre la base de la selección artificial. En otras palabras, la selección artificial muestra que todos los tipos de selección (incluso la selección natural) podrían conducir a grandes cambios, aunque estuvieran implicadas solamente pequeñas variaciones.

Sin embargo, dicho esto, la analogía entre los casos de selección artificial y selección natural se acaba. En particular, no se puede argüir (en virtud de estos casos) que la selección natural ocurre siempre ni que, cuando ocurre, los tipos de variaciones seleccionados serán los mismos que los criadores seleccionan. No se sigue necesariamente del hecho de que los criadores de podencos afganos los seleccionen por su pelambre larga, que habrá una selección por pelambre larga en poblaciones silvestres de perros. Consecuentemente, las pruebas obtenidas de estos casos de selección artificial son muy limitadas: muestran que la selección puede tener grandes

efectos, pero no que la selección natural exista ni, si existe, en qué dirección apunta.

Enseguida aparece la pregunta de si una selección realizada por el hombre puede usarse para apoyar la teoría evolucionista, cuando se tiene la intención deliberada de encontrar pruebas en favor de la teoría evolucionista. (Habría una prueba sacada de la selección artificial sobre todo, como discutíamos arriba, cuando no hay intención de apoyar la teoría evolucionista.) Parece bastante claro que se pueden obtener pruebas de la selección artificial, si se puede sugerir con razones válidas que se llenan algunas variables dejadas vacías en los casos arriba mencionados (esto es, los casos donde la selección artificial se practica sólo por negocio o deleite personal). En concreto, las pruebas parecerían estar más próximas si pudiéramos sugerir que nuestra selección artificial tiene analogías con posibles casos de selección natural (además de con la reproducción diferencial). Si ello es así, se podría entonces conocer las direcciones que la selección natural podría tomar, las proporciones de sus efectos y algunas de sus consecuencias generales.

Un buen ejemplo del uso que los evolucionistas han hecho de la selección artificial para tratar de simular así la selección natural, se encuentra en experimentos que pretendían resolver un problema, mencionado antes, que ha irritado y dividido por largo tiempo, a los evolucionistas (problema porque ha dividido a los seguidores de la teoría sintética y no porque haya desafiado los fundamentos mismos de la teoría). Algunos evolucionistas, particularmente Mayr (1963) argumentan con fuerza que la formación de especies en animales superiores (la división de tales animales en grupos que están reproductivamente aislados entre sí) no puede ocurrir sin aislamiento geográfico. También arguyen que los grupos no podrán reconstituir las bases genéticas de una reproducción aislada, a menos que estén geográficamente separados por algún tiempo. Otros evolucionistas, por ejemplo, Ford (1964) piensan que posiblemente se podría a veces dar una reproducción aislada sin aislamiento geográfico, aunque admiten que el aislamiento geográfico precede generalmente a la reproducción aislada. Thoday y sus compañeros (por ejemplo, Thoday y Gibson, 1962) han llevado a cabo una serie de experimentos de selección artificial (experimentos en que la selección artificial trata de copiar la selec-

ción natural) para iluminar este problema. De pequeñas poblaciones de *Drosophila,* Thoday separó algunos miembros con ciertos caracteres. (Los caracteres en cuestión eran quetas. Thoday eliminó los individuos que tenían un número intermedio de quetas y conservó a los que poseían un número elevado o bajo.) Después de un breve tiempo (10 ó 12 generaciones) Thoday tenía dos poblaciones reproductivamente aisladas, aunque no había habido aislamiento geográfico y se habían tomado medidas para asegurar que habría alguna casta intermedia entre las moscas de número elevado de quetas y las de bajo número. Por lo tanto, parece que la selección artificial podría realizar la reproducción aislada sin que medie aislamiento geográfico y que la selección natural podría hacer lo mismo, si aceptamos desde luego que se den algunas condiciones naturales burdamente análogas.

Sin embargo, debería señalarse que en algunos aspectos la analogía es un tanto débil, como en la mayor parte de los casos en que se trata de usar la selección artificial como sustituto de la selección natural, por más que algunos evolucionistas piensen que tales condiciones análogas se dan a veces. En primer lugar, aunque en la naturaleza ocurren presiones selectivas muy severas, el experimento no demuestra de qué clase podrían ser éstas; no es necesariamente verdadero que las quetas de *Drosophila* sean los caracteres particulares implicados, aunque, desde luego, podrían serlo. Y muchos argumentarían que sólo en circunstancias muy insólitas, tales presiones selectivas severas se mantendrían, aunque con poca probabilidad, por el tiempo suficiente como para que rápidamente se reprodujeran organismos que no fuesen insectos (pues hay sólidas pruebas de que tales fuerzas se mantienen comúnmente en el caso de los insectos). En segundo lugar, las poblaciones cautivas fueron separadas de todas las demás especies y —cosa más importante— de otros grupos de la misma especie. Mayr (1963) estima que en cualquier población puede haber hasta un 40 por ciento de cambios debidos a la emigración e inmigración; recientemente, sin embargo, Ehrlich y Raven (1969) han puesto en duda esta suposición. En tercer lugar, quizá lo más importante, las poblaciones experimentales fueron muy pequeñas —alrededor de unos 40 miembros—. Ninguno de estos puntos parece demostrar en absoluto que sea imposible sostener la analogía entre los experimentos de Thoday y las posibles poblaciones silvestres; sugieren, empero, que, si alguna vez ocurre, la formación de especies sin aislamiento geográfi-

co en animales superiores será rara y posiblemente restringida a organismos de ciertas clases (como insectos).

Casi todos los experimentos de selección se parecen probablemente a los de Thoday en que se debe cualificar las conclusiones que se pueden sacar. Tales experimentos clarifican obviamente los problemas de la evolución, pero, tomados en sí mismos, los experimentos rara vez parecerían acabar definitivamente con el debate. (Los experimentos de Thoday no han sido evidentemente la última palabra en el debate sobre la formación de especies.) Sin embargo, aun concediendo esto, algunos críticos podrían quejarse en este momento de que toda la discusión ha sido desviada del punto principal. La cuestión que debería plantearse —dirían los críticos— es la tercera planteada más arriba, esto es; ¿qué pruebas de la existencia de la selección *natural* pueden obtenerse utilizando poblaciones cautivas? Si no establecemos primero la existencia de la selección natural, ¿no serán futiles todas nuestras analogías de la selección artificial? Volvamos, pues, a esta cuestión, anotando, empero, que, aun cuando seamos incapaces de realizar la selección natural en poblaciones cautivas, seguiremos teniendo pruebas de ella en poblaciones silvestres.

No parece haber, en principio, ninguna razón para que la selección natural no debiera ocurrir (y ser estudiada) en poblaciones cautivas. Dado que los organismos crecen en proporción geométrica, si se restringiese esta capacidad regulando la alimentación, el espacio o alguna otra cosa, muchos morirían sin reproducirse. Además, el éxito o el fracaso serán una función de los caracteres poseídos por los organismos y no de la decisión del experimentador, que permite que unos triunfen y otros fracasen, como ocurriría con la selección artificial. Dobzhansky (1951) da un buen ejemplo de un experimento que aplica este tipo de selección natural en una población cautiva. Poblaciones de *Drosophila melanogaster* fueron conservadas en celdas; las poblaciones estaban formadas por mezclas del tipo silvestre —moscas con alas de largo normal— con el mutante, vestigiales (es decir, mosconas no voladoras, con las alas cortas). Si no se hacían ajustes especiales en el entorno, los tipos silvestres aumentaban rápidamente (señal de que no sólo estaba ocurriendo una selección natural, sino que el tipo silvestre era más apto). Sin embargo, se podría esperar que, en algunas circunstancias, las vestigiales se manifestaran más aptas y así sucedió efectivamente. En pequeñas islas oceánicas, la falta de alas

podría ser adaptativamente ventajosa, pues los insectos alados serían fácilmente arrastrados hacia el mar y destruidos. El experimento confirmó esta suposición, pues se observó en las poblaciones cautivas mantenidas en lugares expuestos al viento, que el viento se llevaba las moscas aladas, mientras las vestigiales crecían en número y se mostraban, por lo tanto, como las más aptas en esta circunstancia.

No es necesario hacer más comentarios sobre el valor de tales experimentos. Proporcionan pruebas no sólo de la existencia de la selección natural, sino también de los efectos de los tipos de selección que es probable encontrar en la naturaleza. Sin embargo, como antes, debemos atemperar nuestro entusiasmo con algunas especificaciones. En primer lugar, una vez más nos hemos restringido al estudio de organismos de rápida multiplicación. En segundo lugar, debemos reconocer que algunos organismos se desorientan enormemente en cautividad —algunos se niegan a reproducirse en cautividad como lo hacían en estado silvestre y, a la inversa, algunos organismos, normalmente de reproducción aislada, procrean híbridos en cautividad al producir una descendencia totalmente apta. En tercer lugar, debemos enfrentar el hecho —júzguese como se pueda— de que la cautividad creará algunas condiciones realmente nuevas y posiblemente nuevas fuerzas selectivas. Por lo tanto, no es de esperar poder estudiar los efectos de fuerzas muy leves, porque cuando las fuerzas selectivas se suavizan, tanto mayor es la posibilidad de que surjan otras fuerzas imprevistas que producen también sus efectos. Por lo tanto, como se piensa que la evolución es a menudo el producto de fuerzas muy débiles, los experimentos de selección natural están obvia y severamente limitados.

En conclusión, la respuesta en todos los casos que hemos estudiado, parecería similar. Se pueden obtener pruebas sustanciales del estudio de poblaciones cautivas, pero la extensión de estas pruebas es limitada. Sin embargo, aun así, es importante finalizar esta sección destacando una limitación sin importancia en este punto. Podría objetarse que casi todos los experimentos sobre poblaciones cautivas tienen un valor muy cuestionable, porque la mayor parte de ellos no pretenden mostrarnos el curso real de las vías evolutivas. Su único fin es determinar cómo podría ocurrir la evolución. Sin embargo, cualesquiera sean los límites de tales experimentos en poblaciones cautivas, esta objeción no

señala ninguno de ellos, porque se basa en una confusión, puesta de manifiesto al principio, entre una *teoría* evolucionista y una *filogenia,* es decir, una descripción del proceso evolutivo de un grupo. Los experimentos están diseñados para poder hablar de la teoría y esto es lo que hacen. No tienen como fin primario la reconstrucción real de la historia de la vida y por tanto, no deberíamos reprocharles que no nos hablen de ella. (Desde luego, con esto no negamos que se puedan aplicar los resultados de sus experimentos a situaciones reales.)

6.3. Teorías evolucionistas alternativas

La afirmación de Manser de que la teoría de la evolución a través de la selección natural no ha tenido nunca una oposición científica seria, no puede ser más errónea. Durante el desarrollo inicial de la Genética mendeliana, muchos biólogos de primera línea pensaron que estaba superada y moribunda y recientemente algunos biólogos de primera categoría han sostenido teorías alternativas a la teoría sintética. En esta sección examinaré brevemente tres de ellas: 1) el llamado «lamarckismo» (Lamarck, 1809; Cannon, 1955, 1958; Mayr, 1972), 2) la teoría «de los saltos» (Goldschmidt, 1940, 1952; Schindewolf, 1950) y 3) la teoría de la evolución por «ortogénesis» (Jepson, 1949).

Por *Lamarckismo* se entiende comúnmente la teoría de que los cambios evolutivos son una función de los efectos directos de la interacción de los organismos individuales con su entorno —los caracteres hereditarios aparecen y desaparecen como efecto del uso y del desuso. Sin embargo, a mi modo de ver el «auténtico» Lamarckismo (es decir, la versión sostenida por Lamarck), aunque incluye el uso y desuso, es bastante más amplio y abarca todo tipo de cambios evolutivos que sean, supuestamente, el resultado de caracteres hereditarios que aparecen o desaparecen como respuesta a «necesidades» suscitadas por las presiones del entorno. (Esto excluye las mutaciones fortuitas que difícilmente pueden ser una respuesta a las presiones.) En efecto, el «auténtico» Lamarckismo acentúa probablemente un tipo de tendencia general de todos los organismos a evolucionar hacia cierto tipo de perfección, Mayr (1972), sin embargo, sugiere que, al desarrollar su pensamiento, Lamarck dio cada vez menor importancia a este punto en sus estudios evolucionistas.

Prima facie, el Lamarckismo (*qua* respuesta a la necesidad) parece muy plausible, pues hay aparentemente muchos caracteres mejor explicados de una manera lamarckiana. Por ejemplo, la fricción sobre la piel (humana) produce callosidades; de aquí, las durezas en las manos del herrero. Sin embargo, los bebés nacen con piel gruesa en la planta de los pies. ¿Qué suposición más natural podría hacerse? Los niños nacían en un tiempo con piel fina en las plantas; desarrollaron la piel gruesa después de que comenzaron a andar sobre sus pies descalzos. En virtud de este hecho, las generaciones futuras comenzaron a heredar lo que las primeras generaciones tuvieron que adquirir. Otros caracteres semejantes son la piel negra en los hombres (adquirida a través de generaciones tostadas por el sol), las callosidades en las partes traseras del avestruz (adquiridas a través de generaciones que estuvieron sentadas) y, desde luego, los cuellos largos de las jirafas (adquiridos a través de generaciones que lo estiraban). Aparentemente se pueden incluso encontrar pruebas experimentales de Lamarckismo. El genetista Waddington sometió larvas de Drosophila a shocks calóricos y encontró que algunas moscas se desarrollaban con deformidad en las alas. Seleccionó estas moscas con deformidades y, tras unas cuantas generaciones, obtuvo moscas con deformidades en las alas aun *sin* shocks calóricos. Aquí hay, aparentemente, un caso bien definido de un tipo lamarckiano de cambio hereditario (Waddington, 1957).

Desde luego, un problema importante del Lamarckismo, que aun sus seguidores reconocen, está en definir el fondo genético, supuesto responsable de la transmisión de caracteres que aparecen (o desaparecen) de una generación a la siguiente, por el uso y desuso, o sólo por una necesidad general. Darwin (1868) trató de remediar esta deficiencia: creyendo en los efectos hereditarios del uso y desuso, presentó una teoría que llamó «pangénesis». Darwin supuso que todas las células de un cuerpo producen gémulas diminutas, que son transportadas por el cuerpo y transmitidas a través de las células sexuales, a la siguiente generación. Sugirió que una alteración en los caracteres físicos de un organismo por el uso y desuso provoca una alteración en las gémulas, que son transmitidas entonces en forma alterada a la siguiente generación, que hereda así los caracteres físicos cambiados. Así obtenemos un efecto lamarckiano.

Sin embargo, por atractivo que parezca el Lamarckismo a

primera vista, hay varias razones insuperables por las que tanto el Lamarckismo como la pangénesis de Darwin son consideradas hoy día, como insostenibles. La más obvia y básica es que las pruebas citológicas indican enteramente otra cosa. Las células no entregan unidades hereditarias sueltas así como así; no hay pangenes transportados por la sangre u otro fluido corpóreo; no hay, en absoluto, ninguna prueba (citológica) de que el entorno tenga un efecto directo en las unidades de la herencia por el uso y desuso, ni por una necesidad general a la manera supuesta por el Lamarckismo; todas las pruebas indican otra cosa, esto es, que cuando el entorno afecta a los genes, lo hace a través de cosas como la radiación, y que los efectos fenotípicos no están relacionados en absoluto con necesidades orgánicas o con el uso y desuso, y que, finalmente, no es precisamente verdadero que genes o gémulas procedentes de todo el cuerpo formen las células sexuales («gametos»). La formación de estas células en muchos organismos está totalmente separada de las demás células («somáticas»). En la mujer, por ejemplo, las células que forman los gametos están ya en los ovarios antes del nacimiento. De ahí que de ningún modo podría el uso y desuso o algún tipo de necesidad introducida por el entorno, tener efectos hereditarios.

Estas razones, contrarias a la afirmación increíble de Manser de que el Lamarckismo no ha sido refutado con «pruebas muy adecuadas», sitúan hoy la creencia en el Lamarckismo (y en su corolario, la pangénesis) al mismo nivel que la creencia de que la tierra es plana. Sin embargo, por alguna razón, el Lamarckismo continúa fascinando a los legos en la materia y, a intervalos periódicos, su «confirmación» es triunfalmente proclamada, generalmente sobre la base de algunos resultados experimentales esotéricos, que prueban algo jamás soñado por Lamarck, Darwin, ni ningún otro científico serio que sostenga la doctrina. (Un ejemplo favorito son los efectos de la transferencia de ADN de un organismo a otro.) Pero, más que tratar de sondear la extraña psicología de los neolamarckianos, concluyamos este breve comentario del lamarckismo volviendo a la experiencia de Waddington.

Debería señalarse primero que el efecto de Waddington es, en el mejor de los casos, cuasi-lamarckiano. No hay ninguna prueba de que la deformidad de las alas sea un tipo de respuesta a una *necesidad* provocada por el shock calórico. En segundo lugar, aun para este efecto cuasi-lamarckiano, Waddington no tenía porqué

salirse de los límites de la Genética mendeliana ortodoxa para encontrar una explicación. La explicación de Waddington (mendeliana) partió del hecho de que los caracteres orgánicos son siempre tanto una función del entorno como de los genes. En particular, la deformidad de las moscas que requería un shock calórico, debía tener tanto una base genética como una base ambiental (esto es, el shock calórico). Waddington supone que hay varios poligenes, cada uno de los cuales es capaz de crear la deformidad cuando sufre el shock calórico (es decir, es incapaz de producir la deformidad solo e independientemente del shock calórico). Seleccionó los individuos de su población según tales genes y así sus especímenes finales llevaban tales genes. Sobre éstos, Waddington emitió la hipótesis de que, juntos, podrían causar las deformidades aun sin shock calórico. Para contrastar su hipótesis, Waddington argumentó que, si fuera verdadera, una mosca acumularía entonces suficientes poligenes como para exhibir deformidades en las alas, ocasionalmente aun sin selección por accidentes naturales del muestreo. Esto ocurre de hecho y, por lo tanto, parece que, para explicar los efectos del experimento, no se necesitaría suponer ningún tipo de mecanismo hereditario distinto al aportado por la Genética mendeliana; una hipótesis lamarckiana es innecesaria[2].

La teoría de la evolución «de lo saltos» fue una teoría evolucionista aceptada tanto por genetistas como por paleontólogos, en la primera parte de este siglo. Goudge piensa, en contra de los biólogos en activo, que es una teoría de la evolución viable. La premisa básica de la teoría es la siguiente: los cambios evolutivos a gran escala exigen cambios hereditarios instantáneos a gran escala, aunque cambios intraespecíficos puedan implicar que la selección actúa precisamente sobre mutaciones con pequeños efectos hereditarios. Estos saltos evolutivos son producidos supuestamente por «macromutaciones». De ahí que tengamos, según se afirma, un

[2] Podría añadirse con justicia que este asunto tiene una conclusión bastante paradójica. El propio Waddington piensa que realmente su experimento se enfoca a completar la teoría sintética mediante un mecanismo que llama «asimilación genética». En opinión de Waddington, su experimento apoya la hipótesis de que un cambio evolutivo muy rápido puede ser causado por características debidas a poligenes que se manifiestan primariamente por una tensión ambiental y se seleccionan después hasta que la tensión deja de ser necesaria. Sin embargo, Williams (1966) señala que no hay ninguna razón para suponer que la tensión pueda causar alguna vez características que deberán favorecer la selección natural. Las deformidades de las alas en cuestión no constituyen tal ejemplo.

salto generacional instantáneo, digamos de reptiles a mamíferos; luego, a su vez, un salto desde los inmediatos precursores de los primates a éstos, y finalmente, de los antepasados inmediatos del hombre a éste. No hay estadios transitorios: se es reptil o mamífero, jamás algo intermedio. Como estos cambios son tan rápidos, hay escasamente lugar para los efectos de la selección natural y —argumentan así algunos— no se pueden esperar movimientos hacia mayores adaptaciones en los efectos de la macromutación. En otras palabras, el «esquema» básico de los organismos —lo que hace que un reptil lo sea y no sea mamífero, y un hombre, un hombre y no un chimpancé— no es adaptativo. «Adaptativo» es un predicado que puede afirmarse solamente de diferencias entre organismos de la misma especie.

Deberé decir algo sobre esto en las próximas secciones, cuando llegue el turno de considerar las diversas áreas auxiliares de la Biología evolucionista. Por el momento, señalaré que, como el Lamarckismo, la teoría es deficiente considerada a la luz de las pruebas de Genética y Citología. La teoría debió su inicial aceptación principalmente al hecho no sorprendente de que los primeros genetistas se concentraban primariamente en el estudio de casos inequívocos y bastante amplios de cambio hereditario. Hasta que la Genética hubo madurado un poco, no apareció claramente cuán frecuentes son las mutaciones causantes de cambios mínimos. Empero, los genetistas no han podido en absoluto descubrir el tipo de macromutaciones requerido para la teoría de los saltos (el tipo de mutación que llevaría a un grupo de organismos de un orden a otro), aunque conocen algunas mutaciones que causan cambios bastante drásticos. Más aún, las mutaciones de largo alcance conocidas hasta ahora, son, por lo común, precisamente las que más deforman a su portador, desde un punto de vista reproductivo general, aunque, contrariamente a las afirmaciones de la teoría de los saltos, estas mutaciones no actúan en la reproducción aislada entre padres e hijos (a menos que acaben totalmente con la reproducción). El enanismo acrondoplástico es causado por una mutación de un gene único que tiene ciertamente efectos extraordinarios en el fenotipo. Sin embargo, el enanismo acrondoplástico en el hombre no está aún reproductivamente aislado de otros humanos, aunque su potencia reproductiva (masculina o femenina) parece muy reducida.

Desde luego se podría argüir que el fracaso en encontrar el

tipo correcto de macromutaciones no prueba necesariamente que no existan, pero, como acerca de los unicornios, es diferente decir que *lógicamente* podrían existir a decir que es *razonable* suponer que existen. Más aún, como Dobzhansky (1951) ha señalado, para sostener la teoría de los saltos, debe suponerse no sólo la existencia de macromutaciones, sino también que tales mutaciones ocurran dos veces en el mismo individuo (y probablemente, al menos, en un organismo contemporáneo del sexo opuesto). De otro modo, habría organismos con una sola de tales mutaciones, cuando el punto central en cuestión es que las mutaciones lleven supuestamente de un grupo reproductivamente aislado a otro, esto es, de un grupo a otro donde los híbridos —organismos que tienen sólo la mitad de los genes de cada grupo— tienen ventaja reproductiva o simplemente no existen (como, por ejemplo, un híbrido reptil-mamífero). Un organismo con una macromutación sería justamente este híbrido. Así pues, para sostener la teoría de los saltos, se debería creer no sólo que las macromutaciones existen, sino que pueden ocurrir dos veces en el mismo organismo (y, si han de ser transmitidas, también en la pareja). La necesidad de suponer tales tasas de mutación que nunca han sido encontradas, hace ridícula la creencia en su existencia.

Sin embargo, como en el Lamarckismo, hay algunos fenómenos que *prima facie* apoyan la teoría de los saltos. En algunos grupos de organismos —virtualmente plantas— se encuentra que la formación de especies ocurre en el espacio de una generación (Stebbins, 1950). Esto es, como supone la teoría de los saltos, los padres y la descendencia están reproductivamente aislados. Sin embargo, este fenómeno, conocido como «poliploidismo», si bien muestra que la teoría sintética debe extenderse a tales casos de formación de especies, difícilmente provee de un apoyo a la teoría de los saltos tal como se describió antes. El poliploidismo no es una función de macromutaciones, sino de conjuntos completos de cromosomas que se han transmitido, más de lo normal, a conjuntos haploides. Así, en lugar de que la descendencia tenga $2n$ cromosomas $(=n+n)$ podría tener $3n$ $(=n+2n)$ o $4n$ $(=2n+2n)$; asimismo se podrían obtener conjuntos completos provenientes de organismos de diferentes especies. El ejemplo más conocido del último tipo de organismos es el híbrido de repollo y rábano, que puede reproducirse, aunque está (reproductivamente) aislado de ambos tipos de progenitores. Empero, para la mayor par-

te de grupos de organismos, el poliploidismo es raro o simplemente no se da. Por lo tanto, aunque aportara un apoyo a la teoría de los saltos —lo que no hace—, seguiría sin dar una respuesta sobre las macromutaciones que faltan y están implicadas en casi todos los cambios evolutivos.

Esto me conduce ahora al tercer rival de la teoría sintética, la llamada evolución por *ortogénesis*. Por ahora poco diré acerca de esta teoría, principalmente porque no aporta nada significativo sobre Genética o, más generalmente, sobre las causas de cambios hereditarios. Se arguyó que el registro fósil daba ciertas pruebas de tendencias (de más pequeño a más grande, etc.) y de que los caracteres implicados, cualesquiera hubieran sido sus valores de adaptabilidad, se volvían positivamente dañinos para sus poseedores hacia el final de estas tendencias. Se afirmó, por ejemplo, que los macizos colmillos de los tigres dientes de sable, o los cuernos monstruosos del anta irlandés (cf. figura 6.1) requerían una explicación que no podía dar ninguna teoría basada en el concepto de selección natural inspirada en Darwin. Se concluyó, por tanto, que debía reconocerse la existencia de algunos tipos de «fuerzas» ortogenéticas o «momentum ortogénico» que llevaban a los caracteres más allá del óptimo valor de adaptación.

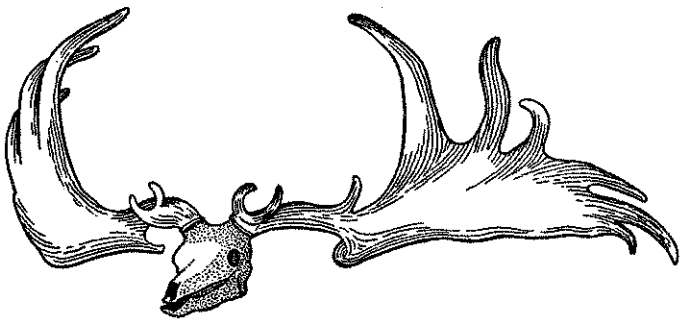

Figura 6.1

Los cuernos del anta irlandés, *Cervus megaceras*. (De Carter, *Animal Evolution (Evolución animal)*, Sidgwick and Jackson Ltd.)

Trataré brevemente la cuestión de si la teoría de la evolución implica que todos los caracteres orgánicos en organismos (con éxito) deban ser adaptativos y también me ocuparé de las tendencias supuestamente encontradas en los registros fósiles. Por el momento,

obsérvese simplemente que la causa principal del desconocimiento actual de la teoría de la evolución por ortogénesis es su incapacidad para contestar a los problemas genéticos y citológicos que comparte con las dos teorías discutidas antes. Sin duda ni siquiera trata de contestarlas de manera positiva. Como, por otra parte, no pueden encontrarse pruebas directas de una fuerza o momentum que conduzcan a las mutaciones en una dirección ya iniciada, los evolucionistas no plantean la ortogénesis, como posible causa de cambios evolutivos.

Con esto termino mi estudio preliminar de las teorías de la evolución que han rivalizado con la teoría sintética. Hemos visto que las tres no aciertan a explicar los hechos básicos de la herencia y por ello principalmente se las ha hecho a un lado, hoy día. Hay, empero, otras razones para este rechazo (y a la inversa, para la aceptación de la teoría sintética), que encontramos en las áreas auxiliares de los estudios evolucionistas. Consideraré ahora brevemente tres de ellas: Morfología, Sistemática y Paleontología.

6.4. Las pruebas morfológicas

La Morfología es la ciencia que trata de explicar los caracteres físicos de los organismos (los ojos de los hombres, las hojas verdes de las plantas, las aletas y escamas de los peces). Obviamente, la mayor contribución de la teoría sintética a este área de estudio es la suposición de que los caracteres orgánicos fenotípicos son esencialmente adaptativos, esto es, que tales caracteres existen y tienen la forma que tienen, porque, por tal existencia y forma, ayudan a sus poseedores a sobrevivir y reproducirse. Como acabamos de ver, dos teorías rivales —la teoría de los saltos y la teoría ortogenética— pretenderían ir en contra de por lo menos una parte de esta suposición. ¿Qué pruebas ayudarían a decidir esta disputa?[3]

[3] Incidentalmente, a mi modo de ver, tenemos aquí otro ejemplo de un área de los estudios evolucionistas que no permite realmente elegir entre la teoría sintética y todas sus contrarias. Me imagino que las afirmaciones lamarckianas acerca de la Morfología (y sin duda también, de la Sistemática y de la Paleontología) no serían muy diferentes a las de los partidarios de la teoría sintética, aunque, si se debieran aceptar los puntos de vista de Lamarck acerca de un movimiento hacia la perfección, podrían aparecer diferencias pertinentes. Para apreciar la actitud de Lamarck respecto del registro fósil, cf. Rudwick, (1972).

Parece claro que muchos caracteres orgánicos, de hecho, son adaptativos. Hemos visto ya ciertas pruebas de ello: el color de las polillas, por ejemplo. Pero no es necesario realizar experimentos sofisticados para ver la adaptación alrededor nuestro. Ojos, dientes, manos, orejas, piernas ayudan a la supervivencia y reproducción. Sin duda, un animal podría perder una pierna y criar, sin embargo, una gran familia, pero con todos sus miembros, tiene oportunidades más favorables. Además, en contra de la teoría de los saltos, parece una clara verdad que el «esquema» básico de los organismos es adaptativo. Pudiera ser una experiencia interesante que nuestros ojos estuvieran en la parte más estrecha de la espalda, pero para organismos que caminan a nuestra manera, es claramente más útil tenerlos por delante, en la parte alta del cuerpo (prescindiendo desde luego, de la «ingeniería» anatómica necesaria para poner los ojos en la espalda). De ahí que resulten obviamente verdaderas las afirmaciones de la teoría sintética[4].

Sin embargo, admitidas como verdaderas las afirmaciones morfológicas básicas de la teoría sintética, debe reconocerse un gran problema. Gran parte de nuestro conocimiento sobre la existencia y naturaleza de las adaptaciones particulares es altamente conjetural o, al menos, lo fue hasta hace muy poco tiempo. Por ejemplo, hace sólo 15 años, Dobzhansky llegó a escribir sobre su propio campo especial de interés: «En efecto, la mayor parte de los caracteres morfológicos que diferencian especies relacionadas de *Drosophila* son de un tipo cuya significación para el bienestar de los animales no es, en absoluto, evidente» (Dobzhansky, 1956, 338). Hablando más en general, admitía: «Es un hecho que la variación en algunos caracteres que un tiempo pareció neutra, fue más tarde reconocida como adaptativa» (Dobzhansky, 1956, 339). Sin embargo, concluye: «Sigue siendo tan verdadero hoy como en tiempos de Darwin que el significado de la adaptabilidad de la mayor parte de los caracteres que varían dentro de las

[4] Paradójicamente, Goldschmidt, uno de los partidarios más fuertes de la teoría de los saltos, arguyó que ciertas diferencias interespecíficas son adaptaciones tan sofisticadas, que no podrían haberse producido por selección de pequeñas variaciones. «La forma de las alas, el tipo de vuelo y la estructura correlacionada de los pulmones de un colibrí, el pico y lengua suctores de néctar, son una bella adaptación a un nicho ecológico definido. Pero, ¿podría la selección favorecer tal combinación antes de que ésta haya alcanzado la capacidad de funcionar?» (1952, 93.) La respuesta de Goldschmidt fue: ¡No!»

especies y entre ellas, es oscuro. Baste mencionar que prácticamente no se sabe nada del significado de la mayor parte de los caracteres que varían tanto entre razas, como entre individuos dentro de una raza» (Dobzhansky, 1956, 339).

Obviamente, nos queda mucho por aprender sobre ventajas adaptativas. Sabemos lo suficiente para afirmar que la adaptación es muy amplia, pero estamos aún lejos de poder afirmar (con base en pruebas directas) hasta dónde llega su amplitud, aunque creo justo decir que en las dos últimas décadas, gracias principalmente a los brillantes trabajos de campo y laboratorio de científicos como Dobzhansky (en América) y Ford (en Inglaterra), las pruebas directas en favor de las suposiciones de la teoría sintética acerca de la naturaleza de la amplitud de las adaptaciones, han aumentado enormemente. Pero, aun excluyendo muchas de estas pruebas nuevas, antes de poder concluir inmediatamente que la Morfología no puede dar un apoyo mayor a la teoría sintética, debería señalarse un punto importante. Aunque la teoría acentúa la importancia de la adaptación, está lejos de afirmar que *todos* los caracteres deban ser adaptativamente ventajosos. De hecho, hay al menos cinco razones que justificarían la opinión de los evolucionistas de que algunos caracteres podrían no ser adaptativos (aunque no todos los evolucionistas acepten todas estas razones). Con algunas de estas razones ya nos hemos topado. La primera es la posible existencia de una corriente de *cambio genético,* que conduce a la fijación de caracteres no-adaptativos (o incluso positivamente desventajosos). La segunda es el *pleiotropismo:* si un gene pleiotrópico produce dos caracteres fenotípicos, uno adaptativo y el otro no, podría reportar beneficios al organismo tolerar el segundo a causa del primero. Una tercera razón es el *cambio de circunstancias:* un carácter puede haber sido un tiempo, adaptativo, pero, al cambiar las circunstancias ambientales, dejar de serlo y, sin embargo, no desaparecer de la población. Una cuarta razón se refiere a un carácter que tiene *dos funciones.* La cola del pavo real puede atraer a la hembra, pero, al mismo tiempo, hacer a su dueño más vulnerable al ataque. En quinto lugar está el *crecimiento alométrico:* algunos genes causan un crecimiento más rápido de los caracteres fenotípicos que del resto del cuerpo; caracteres que continúan creciendo aún después de alcanzada la madurez sexual, pueden dotar a sus poseedores de un empuje reproductivo mayor que el de otros organismos, aun cuando más tarde resultan un estorbo

(para entonces, ya estará hecho el daño genético). Se piensa que, por esta razón, los cuernos del anta irlandés han alcanzado el tamaño que tienen.

Un crítico de la teoría sintética podría quizá, en este momento, sentirse algo molesto. Todas estas posibles razones en favor de la inadaptabilidad podrían inducir a pensar que es inevitable que un carácter no encaje en las afirmaciones de la teoría. Si un carácter es adaptativo, todo está entonces muy bien; si no, esto lo explica alguna de las razones mencionadas arriba. De ahí que, como arguye von Bertalanffy, «un amante de las paradojas podría decir que la objeción principal a la teoría de la selección es que no pueda ser refutada (von Bertalanffy, 1952, 89). Hay, sin embargo, tres réplicas posibles a esta crítica. Primero, aunque la Morfología no pueda refutar la teoría, hay otras bases —particularmente genéticas— para criticarla. En segundo lugar, que los evolucionistas puedan dar muchos argumentos en pro de la inadaptabilidad, no quiere decir que puedan afirmar inmediatamente que un carácter no es adaptativo, por el solo hecho de no poder demostrar su adaptabilidad. Deben demostrar la validez de las razones en favor de la inadaptabilidad. Una conjetura no es una prueba. En tercer lugar, ninguna de las razones mencionadas antes es precisamente un recurso *ad hoc* para que la teoría evolucionista tenga una salida honrosa. El pleiotropismo, por ejemplo, tiene realmente pruebas independientes. Así los evolucionistas no están precisamente imaginando coartadas para evitar ejemplos contrarios inadecuados.

Sin embargo, aun concediendo todos estos puntos, alguno podría seguir sintiéndose incómodo ante las pruebas morfológicas de la teoría sintética, como Rudwick, que hace una crítica aplicable también a las pruebas morfológicas, aunque se ocupa específicamente de pruebas paleontológicas (de la teoría sintética). Rudwick escribe lo siguiente:

> Podemos discutir si los caracteres distintivos de cierto organismo fósil crítico son adaptativos o no. Pero no podemos llegar a ninguna conclusión sobre estos caracteres, si no los probamos como posibles encarnaciones de principios operacionales concebibles. Podremos entonces demostrar que eran probablemente adaptaciones muy eficaces para funciones concretas, y, haciéndolo, añadiremos peso acumulativo a la teoría sintética (o a cualquier otra teoría que acentúe la ubicuidad de una adaptación genuina). Pero si somos incapaces de demostrarlo, nuestro fracaso añadirá el peso correspondiente a alguna otra teoría, pues siempre podrá afirmarse la posibilidad de probar que los caracteres han sido adaptativos,

si podemos imaginar la función correcta, pues, en efecto, no hay ningún criterio positivo para reconocer y demostrar la inadaptabilidad. Al menos a este respecto, por consiguiente, la falsedad de la teoría sintética podría al parecer, ser tan indemostrable como la verificabilidad de sus rivales (Ridwick, 1964, 39-40).

Rudwick parece encontrar una asimetría en la teoría sintética: las pruebas positivas cuentan en su favor, pero las negativas no cuentan en su contra. Obviamente, si el argumento es firme, la asimetría se mantiene entonces tanto en el caso de los caracteres morfológicos (esto es, fenotípicos) de organismos vivos, como en el caso de caracteres morfológicos de fósiles (aunque con esto no se niegue que podría ser más difícil llevar a cabo pruebas en el caso de los fósiles). Sin embargo, sugiero que la conclusión de Rudwick no sería válida, pues su argumento descansa en una confusión lógica. Rudwick pasa por alto que, si bien, en efecto, no podemos estar absolutamente seguros de que algunos caracteres no son adaptativos, tampoco podemos estar absolutamente (lógicamente) seguros de que algunos caracteres son adaptativos. Llega un momento en que aceptamos que los caracteres son adaptativos, pero lógicamente podríamos equivocarnos. Como estamos dispuestos a dar este salto de la probabilidad a la certeza en el caso de los caracteres adaptativos, ¿podemos negarnos a dar el salto en el caso de caracteres no-adaptativos? Pensaría que no. En otras palabras, aunque es siempre (lógicamente) posible que un carácter aparentemente no-adaptativo, tenga luego un valor adaptativo, no resulta razonable aceptar que tal valor adaptativo existe. De ahí que, en contra de la afirmación de Rudwick, las pruebas morfológicas positivas y negativas de la teoría sintética no sean asimétricas.

Con todo, los críticos podrían pedir razonablemente algunos ejemplos específicos de los tipos de pruebas morfológicas que contarían en contra de la teoría sintética. Necesitamos suponer un tipo de carácter aparentemente no-adaptativo tal que no fuera razonable reducirlo a ninguna causa genética normal (como el pleiotropismo). Sugiero, simplemente como ejemplo, lo siguiente: supóngase que hay un grupo de mamíferos, cuyos miembros tienen una pierna muy hinchada (como se da en los casos de elefantiasis). Supóngase que se realizaron todo tipo de pruebas con el resultado de que la pierna parecía una desventaja para estos animales, pues la hinchazón de la misma los exponía a ser más fácilmente captura-

dos por depredadores. Las hembras prefieren machos de piernas delgadas, si prefieren algo. No se observan pruebas de crecimiento alométrico; los individuos de la misma especie pueden hallarse por doquier, idénticos en todo, excepto en la pierna (no parece, por tanto, plausible el pleiotropismo), y etc. Supóngase, sin embargo, que no encontraron pruebas de que el tamaño de la pierna fuera disminuyendo; por el contrario, parecía aumentar. Si se encontrara todo esto, pienso francamente que se debía concluir en primer lugar que se trata de un carácter no-adaptativo inexplicado (y, dentro del contexto de la teoría sintética, inexplicable). Por supuesto, a mi modo de ver, no encontraremos tal carácter y es justo señalar que la mayor parte de los caracteres inexplicados están lejos de ser tan obviamente no-adaptativos, como los del ejemplo último; la mayor parte —por ejemplo, diferencias de color— no parecen ni muy adaptativos ni muy no-adaptativos. Pero no pensamos que no encontraremos tal carácter porque los evolucionistas sean incapaces de reconocer ejemplos morfológicos contrarios a su teoría sino porque, hasta ahora, ningún ejemplo como el que acabo de describir, ha sucedido realmente. Si una teoría carece de contraejemplos, puede deberse a que es verdadera. (Sobre el tema de qué tipo de caracteres demostrarían que realmente la teoría sintética es falsa, cf. el bastante ameno diálogo entre Maynard Smith y Waddington, en Waddington, 1969.)

6.5. Sistemática

La Sistemática, que es, como hemos dicho, el estudio de los diferentes tipos de animales y plantas, nos da por lo menos, una prueba importante y válida para elegir entre la teoría sintética y la teoría de los saltos. La teoría sintética comienza, por decirlo así, construyendo desde los cimientos. Pequeñas variaciones se agregan a las grandes y éstas, a su vez, se añaden a variaciones mayores todavía. De ahí que, si la teoría es cierta, se deban encontrar pruebas de que hay grupos de organismos que, siendo casi especies, no lo son totalmente. Esto es, deberían encontrarse grupos que están a punto de llegar a estar reproductivamente aislados de otros. La teoría de los saltos comienza por el techo y construye hacia abajo. Deben existir, primero, macromutaciones realmente altas, después mutaciones de efecto cada vez menor.

Si esta teoría es cierta, la formación de especies es instantánea y, por lo tanto, dadas dos poblaciones de organismos cualesquiera, éstas deberían estar incluidas sin ambigüedades en la misma especie o en una especie diferente.

Las expectativas de las dos teorías se contradicen recíprocamente, pero las de la teoría sintética parecen más defendibles. En efecto, algunos grupos están obviamente a punto de formar especies (esto es, especies separadas). Los llamados «anillos de razas» son casos conocidos de tal formación. Se trata de una cadena de grupos, que no tiene ningún grupo reproductivamente aislado del resto, pero sí grupos resultantes que se tocan y entrecruzan permaneciendo reproductivamente aislados. Si entresacamos algunos de los grupos centrales, los grupos extremos serían considerados como dos especies perfectamente separadas. En realidad, el intercambio de genes es posible entre ellos, a través de intermediarios. De ahí que, en cierto sentido, forman especies separadas, aunque, en otro sentido, no las formen. Estos anillos de razas son claramente especies en formación, que no podrían existir de ser cierta la teoría de los saltos; por el contrario, supuesta la verdad de la teoría sintética, tales anillos son no solamente posibles sino esperados.

6.6. Paleontología

Casi nadie, si se le pregunta por qué cree en la evolución, contestaría que en razón de los fósiles. Es innegable, sin embargo, que respecto a *hecho y curso* de la evolución, el registro fósil es una prueba irremplazable. Sin embargo, respecto a la *teoría* de la evolución, los evolucionistas de todo tipo, siguiendo el ejemplo de Darwin, han gastado, al parecer, más tiempo en explicar por qué el registro fósil no refuta su teoría, que en mostrarlo triunfalmente como prueba en favor de la misma. (Los creacionistas especiales no encontraron, desde luego, mayor consuelo en el registro fósil.) En efecto, desde Darwin se ha descubierto una gran cantidad de pruebas fósiles; sin embargo, a mi modo de ver, la mayor parte de los evolucionistas, desearían todavía estar de acuerdo con lo que escribe Carter:

> Una teoría evolucionista no puede ser nunca deducida de un solo hecho paleontológico. Los fósiles pueden mostrarnos los cambios a través de los

cuales un animal ha evolucionado de otro, pero nos dicen muy poco de los medios por los cuales estos cambios se han producido. Los paleontólogos pueden excluir algunas teorías evolucionistas porque exigen cambios que están en desacuerdo con sus hechos... Pero construir una teoría de la evolución concierne más a los biólogos que se ocupan de la naturaleza de los organismos animales y de los cambios que en ellos pueden tener lugar: genetistas, estudiosos de la historia de la vida de los animales, ecólogos y otros. La parte de la Paleontología en el estudio de la teoría evolucionista se asemeja a la de la selección natural en el proceso evolutivo: sirve para eliminar lo ineficiente, pero, por sí misma, no puede iniciar nada (Carter, 1951).

Debemos reconocer un hecho importante acerca del registro fósil: no puede darnos ninguna prueba directa de los mecanismos de la evolución, sólo decirnos los efectos de dichos mecanismos. Pero, como señala Carter, el registro es una fuente potencial de pruebas enfocadas a elegir entre la teoría evolucionista y sus rivales. Específicamente, el registro nos provee de pruebas para elegir entre la teoría sintética y la teoría de los saltos, así como entre la teoría sintética o la ortogenética. Veamos, por turno, estas pruebas.

En un primer acercamiento, el registro fósil parece apoyar la teoría de los saltos, pues en la mayor parte de los casos no encontramos cambios evolutivos suaves, causados por mínimas variaciones; por el contrario, encontramos diferentes tipos de organismos que nacen y mueren abruptamente, exactamente como se podría esperar si la evolución fuera esencialmente una función de macromutaciones. Sin embargo, debe reconocerse que la teoría sintética no afirma que el registro fósil deba mostrar siempre pequeños cambios evolutivos; lo que afirma es que tales cambios deben haber ocurrido. El problema está en que las probabilidades de que algo se fosilice, aun dados cambios graduales, son enormemente pequeñas; sobre todo, si se trata de algo que probablemente no se fosiliza de ninguna manera, como un insecto, por ejemplo. Deben prevalecer precisamente las condiciones adecuadas para la fosilización. Si vamos a conseguir pruebas de la evolución en un período, necesitamos entonces que las mismas condiciones se mantengan constantes por ese período. Además, las formaciones rocosas en el área deben permanecer estables, en adelante. Obviamente, algunas de estas condiciones faltarán por lo común y por lo tanto, aun dándose una evolución como la supuesta por la teoría sintética, no podemos esperar de los registros fósiles más de lo que realmente encontramos en ellos.

Sin embargo, indudablemente, si la teoría sintética es verdadera, deberíamos encontrar —en cumplimiento de nuestras expectativas— por lo menos ocasionalmente, algunos de los organismos intermedios que relacionaron unos grupos con otros. Por el contrario, si la teoría de los saltos es verdadera, tales vínculos no podrían ser encontrados nunca. Como lo predice la teoría sintética, algunos de tales eslabones se encuentran ocasionalmente: el más conocido de ellos es el *Archaeopterix,* un animal que es mitad pájaro y mitad reptil. Tal organismo sería imposible, si la teoría de los saltos fuera verdadera. Ahora sabemos realmente de muchos eslabones más, menos impresionantes ciertamente, entre grupos de organismos. De hecho, en la transición de reptiles a mamíferos, hay tantas formas intermedias conocidas hoy que, durante una discusión relativamente reciente, cada participante pudo elegir una forma distinta para marcar el comienzo de los mamíferos (Van Valen, 1964). Aun el eslabón perdido entre hombre y mono, tan apreciado por los teólogos fundamentalistas, es ahora menos hipotético que antes (Mayr, 1963). De ahí que, a pesar de sus limitaciones, el registro fósil da poco aliento a la teoría de los saltos y, por el contrario, apoyo positivo a la teoría sintética.

De manera similar, el registro fósil muestra que hay poco fundamento para sostener una teoría ortogenética, aunque haya sido el mismo registro una de las principales razones para proponer en primer lugar tal teoría. Hay ciertamente tendencias evolutivas, pero pocas son tan obviamente no-adaptativas, como lo exige la teoría ortogenética. En muchos casos, las tendencias parecen de hecho, orientarse constantemente hacia el incremento de ventajas adaptativas. Por ejemplo, muchas estirpes animales muestran un incremento en la talla del cuerpo en un largo período. Ahora bien, dentro de ciertos límites, el incremento en tamaño del cuerpo es una ventaja adaptativa. Por ejemplo, mientras más grande es el animal, es a menudo más veloz y, por lo tanto, más capaz de obtener alimentos o de escapar mejor de los depredadores. Más aún, como Simpson destaca, de ser cierta la teoría sintética (en contraposición a la teoría ortogenética), debería esperarse que estas tendencias estén lejos de ser regularmente unidireccionales. Se esperaría encontrar períodos de estancamiento y aun de regresión, cuando fluctuasen las condiciones ambientales. Por ejemplo, en tiempos de hambre, la talla pequeña podría ser una ventaja adaptativa mayor que la que significa la talla grande. A menudo

encontramos precisamente esta irregularidad en tendencias evolutivas. A veces hay sin duda, tanta irregularidad que resulta superfluo continuar hablando de tendencias. Sobre la reducción de los dedos laterales de los caballos —supuesta tendencia que se hizo la más famosa de todas— Simpson escribe:

> No hubo tal tendencia en ninguna estirpe de los Equidae. En su lugar, hubo una secuencia de transiciones bastante rápidas de un tipo adaptativo de mecanismo del pie a otro. Una vez establecido, cada tipo fluctuó en varias direcciones o mostró ciertos cambios de proporción relativos a los tamaños de los animales, pero no existía una tendencia definida (Simpson, 1953, 263).

Por lo tanto, parece que las pruebas indicarían —si indican algo— la validez de la teoría sintética, más bien que de la teoría ortogenética. Ciertamente las pruebas de ésta última no parecen tan válidas como fueron consideradas, cuando el registro fósil no era tan bien conocido. No debería olvidarse, sin embargo, que, como señala Carter, los modernos evolucionistas no son más neodarwinistas (y neomendelianos) que los ortogenetistas, por el registro fósil. Lo que realmente importa es que la ortogenética no encuentra apoyo en otras áreas de los estudios evolucionistas, particularmente en la Genética, mientras que la teoría sintética sí lo halla.

6.7. Conclusión

Esperando tranquilizar finalmente a los críticos, concluiré recordando las tres principales observaciones sobre las pruebas de la teoría sintética de la evolución: en primer lugar, no se pueden hacer predicciones acerca de la futura evolución de los elefantes, antes de encontrar alguna prueba a favor (o en contra) de las teorías evolucionistas. El pasado, tanto como el presente y el futuro, pueden darnos pruebas y dada la enorme importancia de la Genética, aunque se trate de animales más prosaicos, nuestro conocimiento sobre las moscas de la fruta puede ser tan revelador como nuestro conocimiento acerca de los elefantes. En segundo lugar, las pruebas de una *teoría* de la evolución pueden ser grandes, aunque pudieran ser pequeñas las pruebas del *curso* real de la evolución. (Obsérvese cómo, en la cita de la página 118, Carlo habla indiferentemente de «teoría de la evolución» y de «evolu-

ción».) En tercer lugar, se deben juzgar las teorías evolucionistas basándose en pruebas de *todas* las áreas (pero, más particularmente, de la genética). Concentrarnos exclusivamente en la Paleontología, por ejemplo, nos daría una visión muy distorsionada del cuadro verdadero. Desde luego, no puede negarse que, como vimos, al menos Himmelfarb, una crítica de la teoría evolucionista, cree ilegítimo recurrir de esta manera a todas las pruebas; en su opinión, eso equivale a confiar en una «lógica de posibilidad» donde, al contrario de lo que sucede en lógica convencional, las posibilidades se suman para llegar a una probabilidad. Sin embargo, en mi opinión, Himmelfarb tiene en mente una analogía equivocada. Ella piensa que el proceso de confirmación de una teoría es semejante al proceso de encontrar una serie de probabilidades, dadas otras series de probabilidades. Así, si tenemos una probabilidad de 1 en 6 de que salga un seis en el dado, la probabilidad de que salgan dos seis es entonces menor: 1 en 36. Pero la situación que estamos considerando no es similar a ésta, sino a la enfrentada por un fiscal que quiere reconstruir un caso a partir de pruebas circunstanciales. Por sí mismo, el hecho de que Lord Rake fuera asesinado por el mayordomo y que el mayordomo esté loco, no constituye una prueba convincente de la culpabilidad del mayordomo. Tampoco lo es que la coartada del mayordomo se haya venido abajo, ni el hecho mismo de que Lord Rake sedujera a la hija del mayordomo. Sin embargo, súmense todos estos y otros hechos y aparecerá clara como el sol, la culpabilidad del mayordomo. Está «más allá de toda duda razonable». De manera similar, por todas las pruebas tomadas en conjunto, la verdad de la teoría sintética (en el sentido discutido al comienzo del capítulo) y la falsedad de sus contrarias, están más allá de toda duda razonable.

Capítulo 7

TAXONOMIA I

EL ENFOQUE EVOLUCIONISTA

Dada la increíble gama de organismos de la Tierra, tanto los que viven actualmente, como los que del pasado nos ha descubierto el registro fósil, toda teorización biológica presupone obviamente (o conlleva) una tentativa de clasificación. Esta ciencia clasificatoria se llama «Taxonomía». En este capítulo consideraré la forma en que tradicionalmente se ha hecho la Taxonomía, que, por razones obvias, se llama «Taxonomía *evolucionista*». En el capítulo siguiente, consideraré una alternativa recién aparecida a la Taxonomía evolucionista: la Taxonomía que se conoce como «Taxonomía *fenética*» o «Taxonomía numérica». (Las revistas *Systematic Zoology* y *Taxon* traen muchas discusiones filosóficas y cuasi filosóficas acerca de los problemas de la Taxonomía.)

7.1. La jerarquía linneana y su contenido evolucionista

Un sistema biológico taxonómico consiste en una serie de reglas que nos permiten clasificar de un modo particular. Las reglas del sistema que voy a considerar en este capítulo, se deben al trabajo de tres hombres: Linneo, Darwin y Mendel. Linneo proporcionó lo que podría llamarse la estructura formal del sistema, Darwin y Mendel nos encaminaron a conocer lo que permite dar

a la estructura linneana un contenido empírico. Consideremos, por turno, estos dos aspectos del sistema taxonómico evolucionista. En primer lugar, pues, la contribución linneana (Cf. Buck y Hull, 1966).

Según Linneo, los organismos se clasifican jerárquicamente. Se empieza con cierto número de clases conocidas como «categorías». Estas a su vez se subdividen en otras clases llamadas «taxones». Los organismos son miembros de los taxones. Cada organismo es miembro de un taxón y solamente de uno, en cada categoría. Las categorías forman a su vez, una serie ordenada. Se llama «rango» o «nivel» a la posición de una categoría particular respecto a las categorías que le son próximas. Cada miembro de una categoría de un rango particular se incluye en un miembro de la categoría del rango inmediatamente superior. En otras palabras, como los miembros de las categorías son taxones, los miembros de un taxón particular de una determinada categoría (que son, a su vez, organismos) son también miembros de un taxón de la categoría con un rango inmediatamente superior. Esto se aplica obviamente a toda la escala ascendente de rangos y categorías hasta alcanzar la categoría de más alto rango. Los taxones de esta categoría no se incluyen en ningún otro taxón. Generalmente, los miembros de taxones de diferentes rangos (el «rango de un taxon» es el rango que posee una categoría taxonómica) se hacen cada vez más numerosos al ir aumentando el rango, de modo que hay muchos taxones en el rango más bajo y, por el contrario, sólo unos cuantos en el rango más alto. (La forma en que los miembros de los taxones se hacen más numerosos consiste en la inclusión de más de un taxón de cierto rango en el mismo taxón del rango inmediatamente superior).

Una descripción formal de la jerarquía la hace aparecer más compleja de lo que en realidad es. El simple ejemplo siguiente valdrá más, sin duda, que mil palabras. Supongamos diez organismos agrupados en cuatro taxones en el rango más bajo y tres categorías diferentes. No hay absolutamente modo de que el agrupamiento continúe ascendiendo en jerarquía; la figura 7.1 sería un caso típico.

En esta figura, las letras arábigas minúsculas representan los organismos, los paréntesis curvos, los taxones, las letras arábigas mayúsculas son los nombres de los taxones (y los subíndices, el rango de los taxones), los paréntesis cuadrados las categorías, y las letras griegas los nombres de las categorías (y los subíndices

$$\gamma_3 \left[\overset{G_3}{(a,\ b,\ c,\ d,\ e,\ f,\ g,\ h,\ i,\ j)} \right]$$

$$\beta_2 \left[\overset{E_2}{(a,\ b,\ c,\ d,\ e,\ f)} \ \overset{F_2}{(g,\ h,\ i,\ j)} \right]$$

$$\alpha_1 \left[\overset{A_1}{(a,\ b,\ c)} \ \overset{B_1}{(d,\ e,\ f)} \ \overset{C_1}{(g,\ h)} \ \overset{D_1}{(i,\ j)} \right]$$

Figura 7.1.

el rango de las categorías). Como puede verse, cada organismo pertenece a un taxón en cada categoría y solamente a uno. Así, por ejemplo, el organismo *a* pertenece al taxón *A* en el rango uno, a *E*, en el rango dos y a *G*, en el rango tres.

La versión de la jerarquía linneana que se utiliza hoy día, postula que cada organismo debe pertenecer a un mínimo de siete taxones, que son miembros de siete categorías especificadas de rango ascendente. Hay, de hecho, más de siete categorías extra que se utilizan para una clasificación más detallada; pero es esencial la pertenencia a un taxón de cada una de estas siete categorías. Como ejemplo, supongamos que se trata de clasificar un organismo concreto que pertenece a una de las especies de lobo; de ello se sigue automáticamente que hay siete taxones a los que pertenece este lobo y que estos taxones a su vez, pertenecen a siete categorías. Los taxones y las categorías son las siguientes:

Categoría	Taxón
Reino	Animalia
Filum	Chordata
Clase	Mammalia
Orden	Carnívora
Familia	Canidae
Género	*Canis*
Especie	*Canis lupus*

Como puede observarse, el nombre del género se incluye convencionalmente en el nombre de la especie. Ambos están escritos en letra cursiva.

Hasta aquí nos hemos ocupado únicamente de la estructura

formal del sistema taxonómico evolucionista. Refirámonos ahora al contenido empírico que los partidarios del sistema tratan de introducir en él. Gracias a Darwin, Mendel y sus sucesores, reconocemos ahora que el mundo orgánico tal como lo encontramos —tanto, aquí y ahora, como en el registro fósil— es el producto de un proceso evolutivo. Los taxónomos evolucionistas intentan reflejar en su sistema algo de la evolución de los organismos; sin embargo, debe admitirse sin más que nadie, ni siquiera el evolucionista más entusiasta, intenta integrar dentro de su sistema cada ápice de información evolucionista referido a los organismos que trata de clasificar. Esto significa que los taxónomos evolucionistas deben decidir qué tipo de información exactamente quieren introducir en su clasificación, y como tienen diferentes intereses, no debe sorprendernos encontrar enfoques un tanto diferentes a propósito de problemas más concretos, aunque los evolucionistas tengan en mucho su compromiso común con los ideales evolucionistas. En efecto, en cuanto al trabajo práctico actual de clasificar, estas diferencias no siempre tienen una gran influencia en los resultados finales de los taxonomistas; sin embargo, no debe subestimarse su importancia teórica.

Parece haber dos enfoques básicos principales de la Taxonomía evolucionista en el mundo de habla inglesa, aunque, como veremos, hay bastantes coincidencias tanto en los puntos de vista como en los principios de estos dos enfoques. Por un lado, están los que se podrían denominar *genetistas* (cf. Mayr, 1966), que consideran predominantemente no tanto la historia del pasado de los organismos (aunque no la ignoren completamente), cuanto las similitudes y diferencias de los genes y de la combinación de genes en los organismos que están clasificando. Mayr, uno de los principales partidarios de este tipo de Taxonomía, escribe: «Cuando un taxónomo evolucionista se refiere a la relación entre varios taxones, piensa con razón en términos de semejanza genética, más que en términos de genealogía» (Mayr, 1965). Por otro lado, están los que podrían llamarse *genealogistas* (cf. Simpson, 1961), para quienes las clasificaciones evolutivas deben reflejar en cierto sentido la historia filogenética de los organismos. Así, Simpson, uno de sus portavoces, escribe: «Es preferible considerar la clasificación evolucionista como *consecuente* con la filogenia más que como expresión de la filogenia o como basada en la misma (aunque en un sentido suficientemente lato, esto último sea verdadero). *Una clasifi-*

cación evolutiva consecuente es aquella cuyas implicaciones derivadas conforme a los criterios establecidos de dicha clasificación, no contradicen el punto de vista del clasificador respecto de la filogenia del grupo» (Simpson, 1961. Las cursivas son del autor citado).

Cuando vamos a ver cómo se traducen estas diferentes intenciones en la práctica, nos damos cuenta que tanto genetistas como genealogistas están de acuerdo en una cosa: la especie exige una definición distinta de las utilizadas para categorías más altas. Veamos primero la posición de los genetistas: normalmente aplican el concepto de especie a grupos de organismos que tienen un «genotipo» común o que participan de una «combinación de genes» común. Menos metafóricamente, Mayr ha argumentado que la especie taxonómica (esto es, la categoría que aparece en la jerarquía linneana) debería corresponder a la especie «biológica», concepto que se aplica a «grupos de poblaciones naturales con entrecruzamiento actual o potencial, que se encuentran reproductivamente aislados de otros grupos parecidos» (Mayr, 1942, 120). En el caso de categorías más altas que la especie (digamos de rango *n*), los genetistas afirman que estas clases, al tener como miembros a taxones de rango *n*, deberían incluir entre sus taxones-miembros uno o más taxones de rango $n - 1$ «de origen filogenético presuntamente común, separados por una neta distancia de otros grupos parecidos. Se debe postular, por razones prácticas, que el tamaño de las distancias sea inversamente proporcional al tamaño del grupo» (Mayr, 1942, 282). Debería hacerse notar que, en este contexto, por «neta distancia» se entiende algo genético —por así decirlo—, un golfo genético entre los taxones del mismo rango.

Si pasamos seguidamente a la definición de la especie y de las categorías más altas que ofrecen los genealogistas, encontramos que las definiciones se expresan parcialmente en el mismo lenguaje que las de los genetistas, pero, como veremos, significan cosas diferentes. Para Simpson, la categoría de especie se subdivide en grupos, que llama «especies evolucionistas». Por especie evolucionista entiende «un linaje (una secuencia de poblaciones que descienden de un ancestro común) que evoluciona separado de otros y tiene un papel evolutivo unitario y unas tendencias que le son propios» (Simpson, 1961, 153). Para las categorías superiores, Simpson utiliza la definición de Mayr, pero al hablar de una «neta distancia» entre los taxones, claramente no se está refiriendo al mismo concepto que Mayr. Obviamente, tanto Mayr como

Simpson deben partir normalmente de las diferencias *morfológicas* entre organismos (y añadir quizá unas cuantas diferencias de comportamiento y de algún otro tipo), pero, mientras que, como acabamos de ver, para Mayr estas diferencias reflejan diferencias *genéticas* entre los organismos; para Simpson, toda diferencia morfológica (entre miembros de dos taxones) debe indicarnos el *tiempo transcurrido desde que los dos taxones se separaron* (es decir, el tiempo transcurrido desde que los dos taxones pudieron propiamente ser colocados en un taxón del mismo rango que el que ambos tenían antes). Así, por ejemplo, Simpson justifica de este modo su empleo de criterios morfológicos para clasificar:

> Este procedimiento consecuente con la filogenia depende principalmente de dos principios recíprocos bien establecidos y actualmente familiares:
> 1. Los caracteres comunes tienden a ser proporcionales a la novedad de los ancestros comunes. Las distancias entre los taxones más bajos, en este enfoque, son inversamente proporcionales a los caracteres comunes.
> 2. Los grados de divergencia tienden a ser proporcionales a la antigüedad de los ancestros comunes. Así, el tamaño de las distancias tiende a ser directamente proporcional a la antigüedad de los ancestros comunes de los taxones supervivientes más bajos (Simpson, 1961, 192).

Así pues, éstas son, esquematizadas, las formas principales con que los evolucionistas de habla inglesa tratan de dar un contenido empírico a la jerarquía linneana. En el resto de este capítulo quiero considerar algunos problemas filosóficos importantes, que se originan en la Taxonomía evolucionista. Empezaré considerando la categoría de especie, examinaré después los problemas referidos a categorías superiores y finalmente analizaré brevemente una crítica contra la estructura formal de la Taxonomía evolucionista, es decir, contra la misma jerarquía linneana[1].

7.2. *La categoría de especie*

En esta sección quiero ocuparme de la categoría de especie. Quiero en particular examinar la llamada «especie biológica» que,

[1] Omitiré principalmente en mi análisis, por el limitado espacio de que dispongo, la llamada escuela «filogenética», muy conocida en Europa. Una discusión de sus puntos de vista, con múltiples referencias, puede encontrarse en Hull (1970a).

como ya hemos visto, Mayr define como aquélla cuyos miembros «son grupos de poblaciones naturales con entrecruzamiento actual o potencial, que están reproductivamente aisladas de otros grupos parecidos». Al final de la sección trataré de enlazar mi análisis con la «especie evolucionista» de Simpson. De los puntos de esta sección, unos están tratados con bastante menos detalle y otros bastante más detalladamente en Ruse, 1969. (Cf. sin embargo, también Hull 1970b y Ruse, 1971b.)

Parece existir acuerdo entre los biólogos, al menos en sus escritos, en que la especie biológica tiene algo bastante especial, o mejor dicho, lo tiene cualquier grupo que caiga dentro de ella. De alguna manera, los grupos que son especies biológicas dan la impresión de ser, en cierto sentido, «reales», impresión que no dan otros grupos del mismo modo. Los grupos que son taxones más elevados o que se adecúan a un concepto distinto de especie son, según se piensa, mera ficción. En particular, se consideran irreales los grupos que se construyen mediante el llamado «concepto morfológico de especie», pues éste se basa en la suposición de que los organismos pueden agruparse en taxones en razón de cierto tipo de similitud o diferencia morfológica «general». Según este concepto, las especies morfológicas son las colecciones mínimas de organismos que poseen este tipo de similitud morfológica general, separadas de otros organismos por distancias morfológicas netas; pero internamente no contienen tales distancias morfológicas que separen entre sí a los miembros de la especie. De ahí que los hombres sean hombres porque tienen características humanas que los separan de las vacas, pues hay un golfo morfológico entre seres con características humanas y seres con características vacunas. Casi sin excepción, los taxónomos evolucionistas afirman con resolución que únicamente las especies biológicas son reales; las especies morfológicas son irreales o ficticias.

Debemos inmediatamente explicar por qué, según se cree, el concepto de especie biológica se aplica a grupos reales, mientras otros conceptos, particularmente el de especie morfológica, no se aplican a grupos reales, en este sentido. Mucho se ha escrito sobre el «problema de la especie». Para preparar el camino de una solución, a mi modo de ver, satisfactoria, consideraré primero otras dos tentativas de resolver el problema (Cf. también Mayr, 1957; Lehman, 1967).

Mayr (1963, 1969) argumenta que la especie biológica («bioespe-

cie» para abreviar) es *objetiva* en cierto sentido importante, mientras la especie morfológica («morfoespecie», para abreviar) es *subjetiva*. Creo que muchos taxónomos estarán de acuerdo con él. Sin embargo, Mayr no es desafortunadamente una excepción a la regla de que todos los taxónomos suelen considerar «objetivo» su propio sistema y «subjetivos» los sistemas contrarios, como tampoco es excepción a la regla de que los taxónomos no están, al parecer, dispuestos a explicar al lector el sentido exacto en que emplean los términos. Como los taxónomos no dan ninguna orientación a este respecto (y Mayr, en particular, tampoco), supongo que por «objetivo» se entiende que algo está situado fuera de nosotros mismos, que es público y, en cierto sentido, lo pueden repetir diferentes personas bajo circunstancias específicas. Por «subjetivo» —me imagino— se entiende algo interno, privado, que diferentes personas no pueden necesariamente repetir (bajo circunstancias específicas). Pienso que la distancia entre la Tierra y la Luna es objetiva y que la «obscenidad» de unos manchones de tinta es subjetiva. Algunos pueden estar en desacuerdo, pero, a menos que se me corrija, afirmo que esta forma de construir la dicotomía estaría de acuerdo con la práctica común. Añadiría que, en mi opinión, ni la «total objetividad» ni la «total subjetividad» se alcanzan totalmente nunca (ni, de hecho, estas nociones extremas tienen demasiado sentido), a despecho de las afirmaciones de muchos taxónomos. Más adelante volveré sobre este punto.

¿Tiene razón Mayr al afirmar que la distinción entre objetivo y subjetivo resuelve el problema de la especie? Creo que no; para mí, no es absolutamente obvio que la morfoespecie no sea básicamente objetiva en forma similar a la bioespecie, aunque aceptemos que ésta es básicamente objetiva en el sentido expresado más arriba. Sobre la posibilidad o imposibilidad de cuantificar los grados de similitud y diferencia morfológicas hablaremos en el capítulo 8. Sin embargo, aunque la cuantificación sea a menudo una señal de objetividad, no es absolutamente una condición necesaria —a veces reconocemos sólo preanalíticamente que las cosas sean de una forma más bien que de otra. Esto parece verdad en el ejemplo de las especies morfológicamente diferenciadas. Los seres humanos tienen, al parecer, la habilidad de distinguir los grupos de organismos basándose en diferencias morfológicas: las vacas parecen vacas y los caballos, caballos. En efecto, hasta Mayr ha reconocido este hecho al escribir que:

...hasta los indígenas más primitivos tienen nombres para los distintos tipos de pájaros, peces, flores y árboles. Si únicamente existieran individuos y la diversidad de la naturaleza fuera continua, sería difícil una clasificación en grupos y «tipos» distintos. La diversidad de la naturaleza es afortunadamente, en el mundo animal al menos, discontinua y consiste en una fauna local compuesta por «tipos» de animales más o menos bien definidos, que llamamos especies [...Más aún], los primitivos nativos de las montañas de Nueva Guinea son capaces de distinguir los mismos tipos de organismos que, con entera independencia, distinguen los especialistas en los grandes museos nacionales (Mayr, 1969, 23-4).

De forma parecida, los autores de un importante y reciente libro de Taxonomía vegetal escriben: «...como se ha señalado en varias ocasiones, los taxónomos prácticos están ampliamente de acuerdo en cuanto a los límites de las especies taxonómicas en áreas bien estudiadas...» (Davis y Heywood, 1963, 94, llaman «especies taxonómicas» a las morfoespecies). De ahí que, si por «objetividad» queremos decir algo «exterior» a nosotros, que pueden reconocer diferentes personas, parece entonces difícil negar que las morfoespecies puedan ser razonablemente objetivas o, por lo menos, lo que es una buena proporción de ellas. Consecuentemente, el recurso de Mayr a la dicotomía objetivo-subjetivo no parece resolver el problema de la especie.

Mayr podría replicar a esta conclusión apuntando que en el argumento hecho más arriba, he utilizado el término «morfoespecie» en un sentido bastante más amplio que el referido únicamente a los caracteres morfológicos. Parece que estaría argumentando que se pueden delimitar «objetivamente» grupos, basándose en la morfología, en el comportamiento y en otros caracteres pertinentes *conjuntamente*. En efecto, Mayr podría señalar que los nativos de Nueva Guinea, por ejemplo, utilizan probablemente el canto de los pájaros como auxilio para distinguir los diferentes tipos de aves. Esta objeción es válida, si se la expresa en una forma limitada; aunque está claro que estas morfoespecies, ampliamente construidas, puede Mayr considerarlas «subjetivas», si su delimitación se hace sin referencia a la Genética. Pero de ahora en adelante, el lector puede interpretar en un sentido amplio el término «morfoespecie» tal como yo lo uso, aunque señalo que normalmente se podrían y se deberían delimitar los grupos basándose precisamente en la morfología en sentido restringido.

Simpson nos brinda otro enfoque del problema de la especie. Sugiere que hablemos de bioespecies como de grupos «no arbitra-

rios», y de otros grupos, incluidos los morfológicamente definidos, como de grupos «arbitrarios». Simpson escribe:

> Creo que casi toda la discusión puramente semántica de este tema puede evitarse, si términos como «real», «natural», «objetivo» y los términos opuestos o encontrados no se aplican a las categorías taxonómicas ni a los métodos de clasificación, y si ambos términos «arbitrario» y «no arbitrario» se emplean en sentidos especialmente definidos (Simpson, 1951, 286).

Y continúa:

> Propongo también llamar «arbitrarios» a los procedimientos taxonómicos, cuando colocan los organismos en grupos separados, aunque la información acerca de ellos indique una continuidad esencial pertinente respecto a la definición que se está discutiendo, o cuando los sitúa en un grupo singular, aunque se indique una discontinuidad esencial. Por el contrario, los procedimientos no serán arbitrarios, cuando agrupen los organismos sobre la base de una pertinente continuidad esencial y los separen sobre la base de una pertinente discontinuidad esencial (Simpson, 1951, 286).

Muchos taxónomos han recogido la propuesta de Simpson y suponen alegremente que les proporciona un modo de preferir la bioespecie a la morfoespecie. Desgraciadamente no se dan cuenta de que el empleo de los términos «arbitrario» y «no arbitrario» sólo puede darse después de haber optado por una base concreta de clasificación. Primero hay que tomar la decisión de si se quiere clasificar según los criterios reproductivos o morfológicos y únicamente entonces se puede decir si los taxones de una categoría son arbitrarios o no arbitrarios. Así, si se establecen los cruzamientos corrientes y el aislamiento reproductivo, sólo serán entonces grupos no arbitrarios las bioespecies (en contraposición tanto a los taxones superiores que incluyen bioespecies, como a los taxones construidos sobre una base morfológica). Pero estamos discutiendo por qué se deberían escoger prioritariamente los criterios reproductivos, cuando se podrían haber elegido criterios morfológicos, en cuyo caso sólo las morfoespecies podrían no ser arbitrarias. De ahí que, nuevamente, el problema de la especie siga sin solución.

En todo caso, hay varias razones para demostrar por qué la dicotomía arbitrario-no arbitrario no deja totalmente el asunto sin definir, aunque se adopte la propuesta de Simpson. Esto se debe a que las decisiones, arbitrarias en el sentido de Simpson, deben tomarse para clasificar los organismos, a pesar de darse una decisión previa de utilizar el concepto de bioespecie. Los

organismos están reproductivamente aislados de todos los demás; por lo tanto, cualquier tentativa de agruparlos, implica una arbitrariedad (por el contrario, si no se les agrupa, se les deja sin clasificar). Los anillos de razas que vimos en el capítulo anterior significan que se debe ser arbitrario ya respecto al aislamiento reproductivo, ya respecto a la interfecundidad. El hecho de mayor alcance es que, tan pronto se empieza a considerar cualquier tipo de dimensión temporal, se choca con dificultades teóricas que implican decisiones arbitrarias. Indudablemente, los paleontólogos pueden normalmente delimitar en intervalos las especies dentro del registro fósil, pero si las afirmaciones acerca de la evolución son verdaderas, ha habido una reproducción continua a partir de unas cuantas formas originales. Como, dejando aparte los poliploides, una generación no está reproductivamente aislada de la generación de sus progenitores, nos veríamos obligados, si no tomáramos algunas decisiones arbitrarias, a amontonar todo; lo cual —una vez más— no es clasificar. Consecuentemente, aun en el caso del concepto de bioespecie, se debe ser arbitrario en el sentido de Simpson.

Ni Mayr ni Simpson pueden darnos al parecer, razones concluyentes para preferir el concepto de bioespecie al concepto de morfoespecie. No obstante, me parece que hay buenas razones para que los evolucionistas piensen de la bioespecie como lo hacen y se sientan incómodos con la idea del concepto de morfoespecie aisladamente presentado. Sin embargo, no captaremos —a mi modo de ver— la fuerza de esta razón, mientras consideremos ambos conceptos de especie, *separados de cualquier teoría*. Viendo el concepto de bioespecie sólo fuera de su contexto, no se nos suscita el deseo de aceptarlo, y, sin embargo, es el único enfoque que se nos ha presentado hasta ahora. Para encontrar la respuesta correcta al problema de la especie, comencemos por preguntar por qué otros científicos —por ejemplo, los físicos— consideran que algunos conceptos nos dicen algo significativo acerca de la realidad, y otros no nos dicen nada. ¿Por qué, por ejemplo, los físicos escogen el concepto de «trabajo» (definido como fuerza por distancia) como objeto de especial atención? ¿Por qué no escogen un concepto definido como (fuerza)^3 por (distancia)^4? Porque obviamente un concepto como «trabajo» entra en algunas leyes —por ejemplo, como demostró Joule, hay una relación fundamental entre el trabajo empleado en calentar un líquido y el calor producido—, mientras que el concepto de (fuerza)^3 por (distancia)^4 no entra en estas

leyes (a no ser de una forma derivada, si consideramos que la fuerza y la distancia entran independientemente en estas leyes).

Sin embargo, hay, al parecer, una sutileza en el problema de determinar qué conceptos científicos son significativos respecto a la realidad. Supongamos un metal llamado «guelfita» y varias leyes conocidas que se aplican a ella. Podríamos saber, por ejemplo, que «la guelfita tiene un peso específico de 10,2». Supongamos ahora que alguien propone dividir la guelfita en dos clases: una que aparece en trozos de más de 10 libras y otra que se presenta en trozos de menos de 10 libras. No creeríamos que esta división reflejase algo «real», aunque se deba señalar que el enunciado «cualquier trozo de guelfita de menos de 10 libras tiene un peso específico de 10,2» parece nómicamente necesario. Por el contrario, sentiríamos menor reparo en aceptar una división propuesta que se basara en el hecho de que cierta guelfita se funde a 1.000° C, mientras el resto lo hace a 1.100° C. ¿Por qué nos pasa esto? Sugiero que ello se explica porque la experiencia científica nos muestra que el punto de fusión puede reflejarse probablemente en algunas otras características del metal (distintas del tamaño de los trozos) y que con estas otras características, podemos distinguir los dos tipos de guelfita. Así, podríamos esperar que la guelfita de baja temperatura de fusión tenga cierto tipo de estructura atómica y la de alta temperatura de fusión, otra estructura atómica diferente, lo que nos permitiría en vez de referirnos a esta temperatura, basarnos en la estructura para distinguir los tipos de guelfita. En otras palabras, pensaríamos que la división basada en temperaturas de fusión refleja la realidad, porque (al contrario de lo que ocurre con la división por tamaños) tenemos una forma alternativa lógicamente independiente de caracterizar esta división (por ejemplo, en términos de estructura atómica), que se relaciona mediante leyes con la primera forma.

Por tanto, recapitulando las partes de esta discusión, sugiero que consideremos que un concepto es reflejo de la realidad, si tal concepto entra de tal modo en unas leyes, que proporciona una manera alternativa, lógicamente independiente, de realizar las distinciones hechas en el concepto. Esto significa que pensamos que *A* nos dice algo de la realidad, si —y únicamente si— toda *A* es nómicamente necesaria y viceversa. Lo mismo dígase de *B*. (Cf. también Schlesinger, 1963.)

Volviendo ahora a la Biología, veamos si este criterio de realidad

científica que llamaré «criterio de Maxwell»[2], como lo he hecho en el pasado, nos sirve simplemente de ayuda para resolver el problema de la especie. Creo que es bastante claro que nos sirve. Supongamos un grupo de organismos cuyos miembros se cruzan entre sí, pero están reproductivamente aislados del resto de los organismos. Estos hábitos reproductivos deben indicarnos que los miembros del grupo participan de un mismo «contenido genético». Ello quiere decir que poseen un parecido genético fundamental, del que no participa el resto de los organismos. (Esta me parece la significación corriente del término «contenido genético»). Si estas relaciones genéticas no fueran reales, como los genotipos individuales son cosas delicadamente equilibradas, estos individuos no podrían entonces claramente formar nuevos genotipos con otros participantes del mismo contenido genético, ni estarían tampoco, como grupo, protegidos de la contaminación genética exterior. Pero, ¿qué podemos decir de un grupo de contenido genético común (basándonos en la teoría biológica)? Dado el contenido genético, podríamos esperar que el grupo participara de un «contenido» de caracteres morfológicos comunes (y probablemente también de unas características de comportamiento comunes). Obviamente, debido al polimorfismo equilibrado, no todo organismo poseería todas las características, pero habría cierto tipo bastante básico de similitud morfológica. Esto porque, en gran medida, la similitud genética normalmente implica un parecido morfológico, dados los genes como unidades de función. Pero, por añadidura, si un carácter resulta adaptativamente ventajoso para uno o unos cuantos participantes del contenido genético, los genes responsables de esa característica se transmitirán a los demás participantes (obviamente en generaciones sucesivas), que, a su vez, desarrollarán esa característica. Por consiguiente, se nos hace otra vez esperar que los participantes de un contenido genético común participarán también de un «contenido morfológico» común, porque, salvo excepciones, casi todas las características que posee un organismo, son función directa de una ventaja adaptativa. Además nuestro conocimiento de la Genética nos haría esperar también que los grupos participantes de un contenido genético común divergieran

[2] Más propiamente podría llamarse «criterio de Whewell», porque este filósofo tan subestimado, fue plenamente consciente de que una clasificación es «real» o «natural», cuando «la disposición derivada de una serie de caracteres coincide con la disposición derivada de otra serie» (Whewell, 1840, 1, 521).

morfológicamente de otros grupos, puesto que la nueva variación exitosa que la mutación a nuevos tipos de genes ha efectuado, se extendería por todo el grupo y llegaría probablemente a serle peculiar (la tal variación o una combinación de nuevas variaciones). Otros grupos no presentarán exactamente el mismo tipo o combinación de mutaciones y aun cuando tengan algunas mutaciones iguales estarán sometidos a presiones ambientales diferentes y, por tanto, tendrán probablemente necesidades adaptativas diferentes de las del primer grupo; consecuentemente, se difundirán diferentes variaciones en sus grupos.

Pero, añádase a todo esto que, dado un grupo con un contenido genético común (por ejemplo, una bioespecie), los miembros serán participantes de una morfología peculiar suya, esto es, serán morfoespecies. El mismo Mayr escribe: «El aislamiento reproductivo de una especie biológica, la protección de su contenido genético colectivo contra la contaminación por genes de otras especies, da por resultado una discontinuidad no sólo del genotipo de la especie, sino también de su morfología y de otros aspectos del fenotipo producidos por este genotipo. En este hecho se basa la práctica taxonómica» (1969, 28).

¿Funciona también esta relación en el sentido contrario, esto es, de la morfoespecie a la bioespecie (como debería suceder si fuera aplicable el criterio de Maxwell)? Pienso que sí, porque, si hay morfoespecies, esperamos que haya también alguna razón para su existencia. La teoría genética nos conduce a buscar algún tipo de parecido genético básico y a esperar que los miembros del grupo serán capaces de transmitir las causas de su variación común entre sí (a través de varias generaciones), mientras los miembros del grupo estén simultáneamente protegidos de la contaminación exterior. Pero esto significa que la teoría espera que algunas morfoespecies determinadas sean bioespecies. Por consiguiente, aplicando el criterio de Maxwell para la realidad científica, podemos ver porqué los biólogos piensan que ninguna agrupación fortuita es una agrupación real como la bioespecie, pues afirmar que algo es una bioespecie supone también (en virtud de la Genética) saber que es una morfoespecie (algo lógica aunque no casualmente independiente) y viceversa.

En virtud del criterio de Maxwell se clarifica un aspecto bastante enigmático del concepto de morfoespecie. Los evolucionistas dan la impresión a los profanos (a uno por lo menos) de cierta hipocresía

respecto al concepto de morfoespecie. Por un lado, se niega que la mera morfología pueda conducir a un agrupamiento real, pero, por otro, los taxónomos evolucionistas, en un 90 por 100 de los casos, y los paleontólogos, en un 100 por 100, al tratar de distinguir las especies, cuentan con poco más que la Morfología para proseguir de algún modo. Por lo tanto, al parecer, su práctica desdice su teoría. Sin embargo, ahora está claro que los evolucionistas tienen ciertamente razón al negar que la Morfología *aislada* pueda conducir a agrupamientos reales: no puede hacerlo porque el agrupamiento en morfoespecies se hace real únicamente cuando la Morfología va unida a algo más, a saber, a los criterios genéticos y, a través de éstos, a los nexos y distancias reproductivos. Por otro lado, también está claro que los evolucionistas pueden legítimamente utilizar criterios morfológicos al hacer los agrupamientos, aunque consideren importante el concepto de bioespecie. Aunque sean lógicamente independientes, los conceptos de bioespecie y morfoespecie son las dos caras de una misma moneda.

Honradamente, debería añadir que, en mi opinión, hay otro factor en el pensamiento de los biólogos sobre el concepto de especie que está relacionado con nuestra actitud hacia las causas. Frecuentemente pensamos que de alguna manera las causas son más fundamentales que los efectos. Así, podría afirmarse que la base «real» para la división de la guelfita es su estructura molecular, causa de otros posibles criterios de división, como el punto de fusión. Análogamente podría argumentarse que los criterios reproductivos son más fundamentales que los criterios morfológicos, porque los primeros son la causa de los segundos y no viceversa. Recordemos lo que Mayr escribe: «El aislamiento reproductivo de una especie biológica... da como resultado una discontinuidad en su morfología...». Sin embargo, corrigiendo esta afirmación (prescindiendo de la verdad que pueda contener), está, en primer lugar, el hecho de que ésta no disminuye en modo alguno la importancia de satisfacer el criterio de Maxwell: si los nexos reproductivos y el aislamiento no conducen a diferencias y parecidos morfológicos, se desvanece entonces su importancia como métodos de división. Lo veremos pronto. En segundo lugar, no es en absoluto obvio que haya una relación directa de causa a efecto entre reproducción y morfología; en muchos aspectos, la morfología parece precisamente tanto causa de los hábitos reproductivos, como efecto de los mismos. En efecto, los animales pueden ser

atraídos o repelidos sexualmente por el aspecto de otros animales. En tercer y último lugar, toda la cuestión de qué considera la Biología más fundamental para entender: la causa o el efecto, no está absolutamente clarificada. Es una cuestión que discutiremos en el capítulo 9 y así no es necesario añadir nada sobre ella en este momento. Por tanto, aunque la posición causal de los criterios de la bioespecie pueda jugar cierto papel en el pensamiento de los biólogos, dudo que ésta sea tan importante.

No resulta inesperado que se puedan hacer una serie de objeciones a la solución del problema de la especie que he ofrecido. Más que tratar de anticiparlas todas, me centraré en la que parece más importante; pero lo haré contestando a una crítica que se hace frecuentemente al propio concepto de bioespecie. Tipifican esta crítica, Ehrlich y Holm (1962), quienes arguyen que «la definición de especie biológica nunca ha sido ni será operacional». El problema estriba —afirman— en que normalmente se debe trabajar con criterios morfológicos y después, supuestamente, se deben inferir hechos reproductivos, porque es imposible afirmar directamente si la mayor parte de los grupos son, de hecho, especies biológicas. Si los grupos están separados en el tiempo o en el espacio, no se puede afirmar directamente si son potencialmente interfecundos. Ehrlich y Holm argumentan que no se puede estar seguro (como vimos en el capítulo 6) de que miembros de dos grupos que se suponen potencialmente interfecundos se comportarán como lo harían en estado silvestre, aun cuando se les reúna artificialmente. Por consiguiente, Ehrlich y Holm encuentran justificado rechazar el concepto de bioespecie, puesto que «parece existir un elemento misterioso en la idea de cruzamiento potencial» (pues tiene que inferirse qué grupos son potencialmente interfecundos, partiendo de una base morfológica).

En mi opinión, hay aquí dos puntos en disputa. Primero, la suposición general de Ehrlich y Holm de que un concepto biológico debe ser «operacional». Segundo, el problema del concepto mismo de bioespecie. Consideraremos por turno estos puntos. Como veremos al discutir el segundo punto, se hará patente una objeción importante a la solución que he presentado del problema de la especie. Los biólogos suscitan muy comúnmente la acusación de que cierto aspecto de la teoría biológica no es «operacional», pero esta crítica no es muy inquietante en sí misma, pues puede demostrarse fácilmente que el operacionalismo, como prescripción

para la ciencia, no es en absoluto suficientemente riguroso para una actividad científica sofisticada. Según la formulación de su fundador, Bridgman, el operacionalismo exige que los conceptos científicos sean definidos únicamente en los términos de las operaciones utilizadas para delimitar el contenido de los mismos. Así, una longitud de diez pies debe ser definida como la longitud abarcada al poner diez veces una regla extremo contra extremo. Ir más allá de las operaciones —se nos dice—, «no es seguro». Sin embargo, como muchos han señalado, antes de llegar a algún resultado en la ciencia, debemos hacer movimientos que los operacionalistas juzgarían como «inseguros». Por ejemplo, si utilizamos diferentes tipos de reglas, no podemos concluir que dos objetos medidos con diferentes reglas puedan, de hecho, tener la misma longitud, a menos que hagamos una suposición por encima de las operaciones implicadas. Generalizando, debe permitirse a los científicos hacer generalizaciones inductivas en el curso de su trabajo, aunque operacionalmente éstas sean «inseguras». Así, por ejemplo, cuando los químicos hablan de una sustancia «soluble» no quieren decir que hayan disuelto realmente todos los tipos de esta sustancia (como lo exigiría el operacionalismo estricto). Han disuelto ciertos tipos y, basándose en ellos, encuentran razones para concluir que todo tipo de tal sustancia se disolvería al ponerla en agua. Hacer tales generalizaciones es el fundamento de la actividad científica. (La tesis de Bridgman se analiza con numerosas citas en Hempel, 1954).

Podemos sacar como consecuencia que, sea operacional o no, el mero hecho de que los taxónomos evolucionistas utilicen generalizaciones inductivas para inferir la especie biológica a partir de la especie morfológica, no puede ser un motivo de crítica. Tal conducta es propia de cualquier otro científico (y omitirla es dejar de hacer ciencia). Por consiguiente, los evolucionistas hacen cosas que los operacionalistas juzgarían como «inseguras», cuando infieren (basándose en la experiencia pasada) que cierta morfoespecie es también bioespecie, porque la morfología del grupo lleva a inferencias acerca de las características reproductivas del mismo. Pero, sin embargo, cuentan con generalizaciones inductivas (específicamente con el conocimiento de la Genética en general y de algunos grupos en particular) y el acto real de contar con tales generalizaciones no es distinto del acto de cualquier otro científico. Es una práctica completamente legítima. (Cf. también Hull, 1968,

que hace observaciones muy ponderadas a los posibles operacionalistas biológicos.)

Sin embargo, con esto no se afirma que sean instrumentos legítimos del científico, las generalizaciones inductivas particulares implicadas, concretamente que la bioespecie corresponda a la morfoespecie y viceversa, y que, por tanto, se pueda determinar qué grupos serían interfecundos si se les pusiera juntos. En base a estas afirmaciones, los críticos podrían atacar tanto la práctica de los taxónomos evolucionistas, como la solución al problema de la especie que he ofrecido. Si la correspondencia no se mantiene, todo se viene entonces abajo; los evolucionistas sólo rara vez podrían determinar si un grupo es una bioespecie y la equivalencia nómica de la que depende mi solución al problema de la especie, no existiría.

Ahora bien, no puede negarse que la correspondencia entre bioespecie y morfoespecie no se mantiene exactamente. Además del problema de los organismos asexuados que, a menudo, forman grupos con miembros de una marcada semejanza morfológica, hay dos tipos de grupos que demuestran que la correspondencia no es exacta. El primer tipo incluye las especies *hermanas,* que son especies válidas, según el concepto de bioespecie, pero que no se diferencian morfológicamente. El segundo tipo incluye las especies *politípicas,* que son especies válidas, según el concepto de morfoespecie, pero con poco o ningún aislamiento reproductivo entre los grupos. Estos grupos demuestran claramente que los diversos conceptos de especie son poco perfilados, o, como los califica Jörner (1966) «conceptualmente inexactos». Las leyes que relacionan los conceptos son obviamente flojas.

No se pueden minimizar las dificultades que presentan las especies hermanas o politípicas; hay, sin embargo un par de observaciones que pueden demostrar que no todo está perdido ni para mi solución al problema de la especie ni para la justificación de la práctica de los taxónomos evolucionistas. En primer lugar, específicamente en defensa de mi solución al problema de la especie, diré que, si lo que he escrito es verdadero, deberíamos entonces encontrar que, en casos difíciles (como las especies hermanas y politípicas), los taxónomos evolucionistas transigen dividiendo los grupos, unas veces según criterios reproductivos y, otras, según criterios morfológicos. Si lo que Mayr escribe normalmente fuese cierto, entonces los taxónomos evolucionistas decidirían siempre en favor de los

criterios reproductivos. Sin embargo, al menos en una ocasión, el mismo Mayr ha escrito: «donde no sean discernibles las diferencias morfológicas de las ecológicas... no parecería práctico separar estas formas, como si fueran especies, en tareas taxonómicas de rutina». A la inversa, arguyó que «combinar todas las especies morfológicas que hibridan libremente en zonas de contacto, conduce también al absurdo» (Mayr, 1957, 376). De ahí que, incluso estos casos difíciles, apoyen mi postura, aunque muestran que la realidad de las especies no está siempre enteramente bien delimitada.

En el segundo punto de nuestro análisis, observemos que los taxónomos evolucionistas no se encuentran, desde un punto de vista práctico, sin recursos al afrontar tales tipos difíciles de especies, aunque las especies hermanas y politípicas hacen azarosa la inferencia de la morfología a la reproducción. En primer lugar, las definiciones morforlógicas implican hoy día, casi invariablemente, lo que Wittgenstein llamó la idea de «parecido familiar». Una definición concreta de morfoespecie incluirá muchos caracteres que poseen algunos miembros del grupo, pero ninguno que posean todos los miembros, pues cada miembro sólo tiene algunos de estos caracteres. Así, por tales definiciones que los evolucionistas llaman definiciones «politéticas», pueden éstos reconocer y controlar la enorme diversidad morfológica interna que presentan muchos grupos (interfecundos), que, sin embargo, están todavía bastante separados tanto morfológica como reproductivamente, de otros grupos. En segundo lugar, usando conocimientos sobre tipos particulares de organismos, los evolucionistas pueden invocar generalizaciones inductivas subsidiarias para inferir la existencia de bioespecies en aquellas regiones del mundo animal y vegetal, donde las especies hermanas y politípicas sean comunes. Por ejemplo, las especies politípicas son comunes entre las aves; por tanto, los evolucionistas esperarían probablemente una mayor diversidad morfológica interna en las bioespecies de aves, que en la mayor parte de bioespecies de otras áreas (y presuntamente ajustarían su teorización en consecuencia). Las especies hermanas son comunes en el mundo de los insectos; por lo tanto, los taxónomos evolucionistas esperarían probablemente una distancia morfológica menor entre dos grupos de insectos reproductivamente aislados. En tercer lugar, para replicar a la crítica basada en que el problema respecto a las especies hermanas reside en que sus miembros

no exhiben en absoluto diferencias morfológicas, debería señalarse que Mayr (1963) afirma que hasta ahora, no hay ningún caso de dos especies hermanas que no muestren algunas diferencias morfológicas, cuando son estudiadas extensivamente.

Finalmente una observación sobre el concepto de bioespecie. Me imagino que la preocupación sobre la noción de «interfecundidad potencial» reside sobre todo en que ésta además de estar fuera de lugar, es redundante. Como hemos visto, cuando los biólogos introducen el concepto, usan no sólo criterios de reproducción, sino metáforas como «trust de genes» [«contenido genético»] o «corporación de genotipos». Ahora bien, trato de sugerir que al hablar de un grupo que comparte o tiene un «trust de genes» común [«contenido genético»], se está afirmando que sus miembros participan de una semejanza genética fundamental, no poseída por otros organismos. En otras palabras, los organismos con un «trust de genes» [«contenido genético»] común forman un tipo de morfoespecie en el mundo genético. Pero, si ello es así, aunque los biólogos hablen corrientemente de hábitos reproductivos y de la posesión de un «trust de genes» simultáneamente, una bioespecie definida en términos de criterios de reproducción y una bioespecie definida en términos de un «trust de genes» no son, entonces, enteramente la misma cosa. Una definición se refiere al hecho de tener o dejar de tener una descendencia viable y la otra se refiere a la naturaleza genética de los organismos, que está relacionada ciertamente con aquel hecho, aunque es distinta. (Mayr lo reconoce al parecer, cuando dice que «el aislamiento reproductivo de las especies biológicas ... da como resultado una discontinuidad ... del genotipo de la especie...»). Pero si tenemos estas dos definiciones, adoptando la que se expresa en términos de «trust de genes», esto es, en términos de similitudes y diferencias genéticas, no solamente quedará satisfecho el criterio de Maxwell, sino que, como todo organismo tiene un genotipo, podrán ser comparados aun los organismos espacialmente separados, atendiendo al concepto de bioespecie, sin ninguna referencia a la potencialidad. (Con ello no se niega que los genotipos deban frecuentemente ser inferidos o que estuvieran por entero perdidos en organismos fosilizados. Pero existirían o habrían existido, cosa que no podría decirse nunca de la reproducción entre grupos aislados de organismos). Desde luego, esta sugerencia mía depende de la decisión de formar el «trust de genes» del modo en que lo acabo de hacer;

pero ello no me parece improbable, dada la intención sostenida por Mayr de clasificar según criterios genéticos. En todo caso, sea cual fuere la acepción del término «trust de genes», las similitudes genéticas fundamentales permanecen y éstas podrían ser la base de un concepto de especie, sea reconocido o no como el concepto de bioespecie.

Con esto concluyo lo que tenía que decir directamente sobre el tan debatido concepto de especie biológica. Para terminar esta sección, relacionaré brevemente la bioespecie con la especie evolucionista de Simpson. Simpson considera que la principal diferencia entre una bioespecie y su especie evolucionista —un linaje (una secuencia de poblaciones descendientes del mismo ancestro) que evoluciona independientemente de otros, con sus propios roles unitarios y tendencias evolutivas— está en que sólo la evolucionista tiene realmente una dimensión temporal. Una bioespecie es, por así decirlo, un corte temporal de una especie evolucionista. Ahora bien, verdaderamente la definición de especie evolucionista hace más hincapié en el tiempo que la definición de bioespecie, aunque no estoy del todo seguro de que una bioespecie carezca totalmente de cierta dimensión temporal. Prescindiendo de todo lo demás, aun hablar de «interfecundidad» implica al parecer implícitamente el tiempo de una o dos generaciones; lo mismo vale para el «aislamiento reproductivo» (aunque quizá no suceda lo mismo, al hablar de un «trust de genes»). (Cf. Cain, 1954, para un análisis de este punto.) Sin embargo, hay, a mi modo de ver, una diferencia mayor entre bioespecie y especie evolucionista que la que Simpson reconoce. La definición de una bioespecie (y también la definición de una morfoespecie) no parece referirse a ningún tiempo, lugar o cosa concretos. Al decir que un organismo es un miembro de la bioespecie x, decimos algo de su habilidad para anudar lazos reproductivos con los miembros de x. De modo similar, al decir que un organismo es un miembro de una morfoespecie y, decimos algo sobre Morfología. Ambas especies x e y podrían admitir como miembros a organismos del espacio exterior, de la prehistoria de la Tierra y aun organismos hechos por el hombre. Ni siquiera hay que creer en la evolución para sostener x e y. De hecho, Mayr señala que los predarwinistas delimitaron realmente grupos, usando una forma del concepto de bioespecie. Sin embargo, una especie evolucionista z que evolucionó sobre la Tierra, implica, a mi entender, una referencia a la Tierra y a un lugar y tiempo

particulares. No alcanzo a ver cómo un organismo podría ser un miembro de z, a menos de haber nacido realmente de otro miembro de z sobre la Tierra, en el tiempo y lugar donde z prosperó (o prospera). Si admitimos organismos de fuera, ya no habrá entonces una secuencia de poblaciones descendientes de un mismo ancestro; esos organismos no están evolucionando independientemente de otros y no tienen ciertamente su propio rol *unitario* —el organismo de fuera no es un descendiente; si de algún modo evolucionó, su evolución fue independiente y su rol no se desarrolló al unísono con los miembros de z—. (Desde luego, se podría dar una especie evolucionista extraterrestre, pero ésta se referiría entonces, implícitamente al lugar donde evolucionó.)

La definición de una especie evolucionista hace una referencia esencial a sucesos de la historia de la Tierra, de tal modo que parecería tener implicaciones en la cuestión de si los conceptos biológicos tienen algún tipo de elemento histórico (que no poseen de ese modo las teorías físicas). Como ya prometí, tendré algo que decir sobre la naturaleza histórica de los conceptos biológicos en el capítulo 10. Aquí, quiero simplemente destacar que, aun adoptando el concepto de Simpson de una especie evolucionista, ninguna de mis conclusiones de los capítulos anteriores de este libro se vería afectada. En particular, no se ve afectada mi afirmación de que la *teoría* evolucionista no se refiere a tiempos, lugares o cosas particulares. La teoría no hace, a mi modo de ver, por sí misma, referencia alguna a una especie particular —en el peor de los casos, tenemos referencias a tipos particulares de especies (como en el Principio de Bergmann). Más aún, nada en la teoría impide su aplicación a la especie evolucionista simpsoniana en planetas distintos a la Tierra. Podría no haber tales especies y, de haberlas, es lógicamente posible que la teoría no valga para ellas; pero ello no alteraría el hecho de que la teoría, en su estado *actual,* no hace referencia esencial a la Tierra y su historia. De ahí que quede incólume mi distinción anterior entre teoría evolucionista e historias filogenéticas.

7.3. El tratamiento genético de los taxones de categorías superiores

Nadie piensa que en la naturaleza existan otros grupos tan «reales» como las especies, pero se debe intentar dividir a los organismos en taxones superiores. Como hemos visto, el genetista

Mayr cree que el criterio más conveniente para hacer tal división es el parecido o las diferencias genéticas. En esta sección consideraré esta propuesta: comenzaré con una objeción teórica a esta proposición y luego consideraré otra objeción basada en la supuesta impracticabilidad de tal propuesta.

Ehrlich, un crítico de toda noción teórica de clasificación basada en los genes, escribe:

> ...Ha resultado muy difícil desarrollar una idea clara del significado de «diferencias genéticas». Prescindiendo de la herencia no nuclear, nos encontramos todavía encarados con la cuestión de cómo podría evaluarse el parecido o las diferencias genéticas... ¿Hay algún criterio absoluto de parecido genético? Si puede encontrarse tal criterio ...¿deberán entonces las clasificaciones más útiles basarse en el parecido genético? (Ehrlich, 1964, 114).

El propio Ehrlich arguye que no podemos dar un significado al parecido o diferencias genéticos; su argumento gira básicamente en torno al hecho de que, en algunos casos, los genes reales que poseen dos organismos (o grupos de organismos) son bastante diferentes, mientras que sus caracteres morfológicos son bastante parecidos (como, por ejemplo, en el caso de las especies hermanas). ¿Deberemos afirmar que tales organismos son généticamente parecidos? Obviamente, en un cierto sentido, sí lo son (pues los genes funcionan de la misma manera), pero, en otro sentido, no lo son (pues los genes reales son diferentes). Por el contrario, Ehrlich alega que hay algunos organismos cuyos genes funcionan de forma bastante diferente (lo cual conduce a grandes diferencias morfológicas), pero tienen, sin embargo, una diferencia genética (estructural) bastante sutil. Y concluye que, en la vida real, donde se dan situaciones extremadamente complejas, tales dificultades hacen bastante inútil toda noción de parecido o diferencias genéticos.

Mi opinión personal acerca de esta crítica se inserta en la opinión general que tengo acerca de la mayor parte de las críticas contra la Taxonomía evolucionista. Las afirmaciones de Ehrlich tienen ciertamente su mérito, pero dudo que su crítica tenga tanto alcance como él pretende (en efecto, si la noción de «parecido genético» carece totalmente de contenido, no alcanzo a ver entonces, cómo Ehrlich puede afirmar que vale algo una taxonomía basada en esa noción). Cuando Ehrlich apunta su crítica contra la posibilidad de una escala de diferencia (o parecido) genéticos

total, inequívoca y absoluta, su objeción es válida. Obviamente sería bastante extraño cuantificar las diferencias genéticas de los virus en contraposición a las diferencias genéticas de los hombres. ¿Cómo, por ejemplo, se podría llegar a determinar si los organismos con sistemas genéticos complejos, que presentan más parecidos y diferencias, son más parecidos que los organismos con sistemas menos complejos, que presentan menos semejanzas, pero también menos diferencias? Por otro lado, dudo que nadie (ni siquiera un taxónomo evolucionista) pudiera nunca afirmar la existencia de tal escala absoluta de parecido genético; tampoco ha intentado nunca nadie construir sistemas taxonómicos que dependan de tal escala. Aunque su trabajo es parte de un todo completo, los evolucionistas lo restringen normalmente a ramas bastante limitadas del mundo orgánico (por ejemplo, a los mamíferos) y se centran en el intento de determinar las diferencias relativas entre los miembros de estos grupos. Por esta restricción, insisten normalmente en que no se podría tratar de juzgar el tamaño de las distancias utilizadas en un área por el tamaño de las distancias que se consideran necesarias en otra área. Por esta razón, el interés de los taxónomos evolucionistas en las semejanzas y diferencias genéticas tiende a restringirse a las semejanzas o diferencias que existen entre grupos limitados.

Ahora bien, la cuestión de la existencia o inexistencia del «parecido genético» me parece totalmente diferente de la que inquiere sobre la existencia de un criterio global de parecido genético. Si nos ocupamos de organismos con complejidad genética aproximadamente comparable (por ejemplo, tipos de primates), no tenemos entonces la increíble distancia que existe, por ejemplo, entre los virus y el hombre. Más aún, sin querer ciertamente minimizar el tipo de problemas a que se consagra Ehrlich, un cambio grande en la estructura del genotipo en la mayor parte de los organismos, se refleja en un cambio fenotípico (y viceversa) y los cambios fenotípicos que producen las alteraciones en un genotipo, tienden a presentar cambios correspondientes en los fenotipos de organismos con alteraciones comparables en sus genotipos. Por consiguiente, si se considera básica la estructura o función genéticas, se llegará a una estimación bastante parecida de las semejanzas genéticas. Para tomar un ejemplo un tanto extremo, los miembros de las especies de *Drosophila* tienen genotipos que son estructuralmente más parecidos entre sí que a los genotipos humanos; lo mismo

ocurre si consideramos la función de los genes más que su estructura. (Como acabo de señalar, con esto no se niega que sea tiempo perdido intentar cuantificar las diferencias entre las especies de *Drosophila* y las especies de primates, dentro de una misma escala.) Por lo tanto, en tal caso, los temores de Ehrlich son infundados. Imagino francamente que casi todos los casos son más parecidos a éste que al tipo de ejemplos mencionados por Ehrlich; por lo tanto, sería una lástima echar por la borda los casos no problemáticos, simplemente porque haya algunos casos difíciles.

Más aún, incluso en estos casos más difíciles, se puede, en mi opinión, hacer ciertos progresos encaminados a entender el «parecido genético». ¿Por qué no se puede, después de todo, distinguir entre parecido genético *qua* función y parecido genético *qua* estructura? Señalando explícitamente que estamos entendiendo el parecido en uno de estos dos sentidos, está claro que puede hacerse un intento de agrupar genéticamente los organismos. Si, por ejemplo, dos organismos tienen los mismos genes, excepto uno o dos, podemos decir que son genéticamente parecidos (*qua* estructura). Esto vale aun en el caso de que esas cuantas excepciones produzcan importantes diferencias morfológicas o de comportamiento. Por ejemplo, un gene puede cambiar la habilidad que tiene un organismo de digerir determinado tipo de alimento; esto puede conducir a un cambio de comportamiento, supuesto que los alimentos estén disponibles o no lo estén. Pero, sin embargo, sería extraño afirmar que ello implica una gran diferencia genética (*qua* estructura). Por otro lado, dos organismos pueden compartir la misma comida; pero si el tipo, número y orden de sus genes difieren mucho, sería, al parecer, conveniente afirmar que los organismos son genéticamente diferentes (*qua* estructura). En otras palabras, sugiero que, de forma limitada, se podría dar cierto significado al concepto de semejanza o diferencia genéticas.

Esta conclusión esbozada no niega que las observaciones críticas de Ehrlich deban ser reconocidas (y en lo posible, contestadas por los que utilizan tal noción. ¿Qué valor le damos, por ejemplo a una diferencia que conduce a barreras reproductivas (aunque las diferencias morfológicas puedan ser sutiles), en contraposición a una diferencia que conduce a grandes desemejanzas morfológicas (pero quizá no a barreras genéticas)? ¿Admitimos que las diferencias genéticas son función de la estructura interna de los genes, o únicamente nos ocupamos de los resultados de estos genes? ¿Qué

importancia le damos al orden de los genes en contraposición a su tipo? Sin embargo, sugiero que el fundamento de una clasificación como la de Mayr, basada en los genes, no puede ser rechazado totalmente por razones teóricas, a pesar de que estas preguntas deban ser contestadas y dado que puede darse un significado aproximativo a la noción de semejanza o diferencia genéticas y también que casi todos los casos parecen no presentar el tipo de dificultades que destaca Ehrlich (pues en casi todos ellos, las semejanzas y diferencias en la estructura y función genéticas coinciden).

Pasemos ahora a examinar una objeción práctica que es posible esgrimir en contra de una clasificación basada en los genes (aunque los que la plantean, no establecen una distinción clara entre los taxónomos evolucionistas y la consideran también aplicable a los que clasifican basándose en la filogenia). Obviamente, si se está tratando de clasificar tanto según una base genética, como según la historia filogenética de los organismos, se debe comenzar por la Morfología (en el sentido lato entendido anteriormente) y considerar que ciertos caracteres morfológicos de los organismos tienen mayor importancia taxonómica que otros. Se verá que ciertos caracteres nos proporcionan gran cantidad de información acerca de la genética o la historia de los organismos, mientras que otros caracteres no nos dan tanta información. Consecuentemente, al clasificar los organismos, se dará mayor «peso» a ciertos caracteres que a otros.

Casi todos los críticos de la Taxonomía evolucionista hacen objeciones a este proceso de ponderación, alegando que carece de garantías, que es arbitrario e incluso que implica *argumentos circulares*. El siguiente pasaje de Sokal y Sneath (1963), principales abogados de la Taxonomía fenética, es típico de la clase de objeciones mencionadas:

> Puede ser útil en este punto esbozar una importante falacia lógica que subyace corrientemente en el procedimiento taxonómico. Se trata de los argumentos circulares que se refuerzan a sí mismos, utilizados para establecer las categorías. Mediante su aplicación repetida, se da a estas categorías la apariencia de una realidad objetiva y definible. Este tipo de razonamiento no se restringe, por supuesto, a la Taxonomía, pero no por ello es menos falaz. Ilustremos este punto: un investigador se enfrenta con un grupo de especies parecidas; quiere mostrar las relaciones entre los miembros del grupo y busca los caracteres que subdividirán éste en varios taxones mutuamente excluyentes. La búsqueda

de caracteres revela que, dentro de un subgrupo *A*, aparecen ciertos caracteres constantes y otros que varían de forma no correlativa con otros subgrupos. Por consiguiente, un taxón *A* se describe y define sobre la base de un carácter complejo, digamos *X*. Se supone al taxón *A* como un taxón «natural» o monofilético. Por tanto, todo miembro de *A* (formas conocidas y desconocidas), según se espera, poseerá *X*; por el contrario, la posesión del carácter complejo *X* define a A.

De aquí en adelante, el grupo A, definido por *X*, asume un grado de permanencia y realidad sin proporción con la base tentativa sobre la que se estableció. Seguidamente, las especies estudiadas se comparan con A para establecer sus afinidades: pueden estar dentro de A, cerca de A o lejos de A. Es totalmente posible que una especie que no presente *X*, esté excluida de A, aunque globalmente esté más cerca de algunos miembros de A, de lo que están algunos miembros de A entre sí. Puede decirse que tales problemas sólo se presentarán cuando A sea un grupo «artificial», formado en base a caracteres «inadecuados». Sin embargo, excepto en los taxones establecidos de antiguo o en los separados de sus más cercanos parientes por grandes distancias, el efecto de la última clasificación (realizada en base a un número limitado de ca-caracteres) es bastante amplio. El razonamiento circular surge de que los nuevos caracteres en vez de ser evaluados según sus propios méritos, son inevitablemente prejuzgados por la formación anterior del taxon A, basada en otros caracteres (*X*). Tal prejuicio ignora que la existencia de A, como grupo natural (o «monofilético»), definido por el caracter complejo *X*, *se ha supuesto, pero no ha sido demostrada*. (Sokal y Sneath, 1963, 6-7.)

Como ha señalado Hull (1967), si este pasaje describe exactamente las prácticas de los taxónomos evolucionistas, el pecado de éstos no es tanto la circularidad cuanto la incongruencia. Supuestamente los evolucionistas consideran que el parecido morfológico amplio indica importantes relaciones (y por tanto, encuentran justificado tomar en serio el carácter *X*) y luego, supuestamente, se desdicen y niegan que los parecidos morfológicos amplios indiquen normalmente importantes relaciones (y, por lo tanto, rehúsan tomar en serio todo parecido amplio que contradiga una clasificación basada en *X*). Está claro que Sokal y Sneath no pueden repicar y andar en la procesión. Si la práctica taxonómica evolucionista es circular, no puede entonces ser incoherente, como lo es definitivamente la práctica descrita más arriba. Por otro lado, si la práctica es incoherente no puede ser circular.

Por supuesto, con esto no se niega que la práctica taxonómica evolucionista, circular o incoherente, cometa un grave error, si el pasaje citado la describe realmente. La clasificación se ha hecho casi totalmente desde arriba, sin ninguna consideración de la naturaleza real (evolutiva) de los organismos. Por lo tanto, se trata

de ver si Sokal y Sneath tienen o no razón al condenar un sistema clasificatorio que utiliza la ponderación. A mi modo de ver, la respuesta a esta cuestión es parecida a las que hemos dado anteriormente. En efecto ciertas clasificaciones se han elevado muy poco por encima del nivel de clasificación descrito por Sokal y Sneath. Sin embargo, habiendo considerado debidamente los propósitos y objetivos de la Taxonomía evolucionista —clasificar a la luz de la historia filogenética o de la base genética—, se pueden encontrar razones que justifiquen la práctica de la ponderación, es decir, la práctica que considera que ciertos caracteres tienen mayor valor que otros, en la búsqueda de relaciones evolutivas significativas. Negar esto significa afirmar que los evolucionistas carecen de las virtudes de la lógica inductiva, a las que, como hemos visto, pueden acceder los demás científicos. Sin embargo, aun cuando la ponderación no se rechazara *a-priori,* no puede negarse que tiene grandes dificultades que el taxónomo evolucionista debe intentar superar.

Para justificar el juicio que he hecho sobre el argumento de Sokal y Sneath, veamos, en primer lugar, lo que describe Mayr en defensa de la ponderación:

> La base científica para una ponderación *a posteriori* no es totalmente clara, pero la diferencia de peso resulta de algún modo de la complejidad de la relación entre genotipo y fenotipo. Los caracteres parecen ser producto de una importante y profundamente integrada porción del genotipo que contiene mucha información sobre otros caracteres (que también son producto de este genotipo) y, por tanto, son taxonómicamente importantes. Otros tipos de caracteres ... así como las semejanzas superficiales, convergencias y adaptaciones estrechas, tienen poco contenido informativo respecto al resto del genotipo y, por tanto, tienen poco valor para la construcción de una clasificación (Mayr, 1969, 218).

¿Qué tipo de caracteres, según Mayr, son de gran peso? Y, al contrario, según él mismo, ¿cuáles son de bajo peso? Mayr menciona dentro de los de alto peso, los caracteres complejos, los caracteres derivados poseídos en común y los caracteres inútiles para una adaptación específica *ad hoc*. Justifica la elección de éstos de la siguiente manera: en primer lugar, cuanto el carácter es más complejo, es tanto menos probable que dos organismos que presenten tal carácter lo tengan por casualidad o que diferentes complejos de genes pudieran producir tal carácter. Los organismos tienen probablemente los mismos complejos de genes y están estre-

chamente relacionados. En segundo lugar, los caracteres derivados poseídos en común (esto es, caracteres iguales, pero adquiridos independientemente por dos grupos) sugieren que diferentes complejos de genes reaccionan de la misma manera frente a las presiones ambientales. Debido a la posibilidad de muchas respuestas diferentes frente a dichas presiones, sería improbable que los organismos respondieran de la misma manera, si no tuviesen un parecido genético fundamental. Finalmente, los caracteres inútiles para una adaptación específica *ad hoc,* no reconocen como causa cambios relativamente rápidos en respuesta a las presiones ambientales (es decir, cambios que probablemente implican un pequeño cambio genético), «pero indican, por así decirlo, meramente la existencia de un básico parecido genético subyacente» (Mayr, 1969, 220). El razonamiento arguye, al parecer, que, si no existe una razón real (por ejemplo, adaptativa) para que los caracteres debieran ser iguales, es muy probable que tal igualdad se deba a un parecido genético. Los caracteres que Mayr califica de bajo peso, son los que varían mucho de unos organismos a otros, los regresivos (esto es, caracteres que conllevan pérdidas, como la de los dientes) y los monogénicos (esto es, los que implican el cambio de un solo gene). Mayr justifica la elección de éstos como justifica la elección de los caracteres de alto peso. Por ejemplo, los caracteres monogénicos —el albinismo, por ejemplo— son obviamente de bajo peso, porque, por definición, implican sólo un mínimo de cambio genético.

Ahora, para evaluar las proposiciones de Mayr, señalemos de inmediato, como antes, que Mayr no hace más de lo que debe hacer cualquier científico; a saber, contar con generalizaciones inductivas cuando recurre a unos cuantos casos conocidos y los aplica para apoyar en general, que algunos caracteres sean de alto peso y otros de bajo peso. Más aún, señalemos también que no puede ser objetable recurrir, en busca de apoyo, a ciertos hechos conocidos de la Genética. Así, por ejemplo, al clasificar organismos como las aves, se podría decidir agrupar miembros de la especie *a* con miembros de especies de un género *b* y no con miembros de especies de un género *c*. Una razón para proceder así puede ser que las principales diferencias entre los miembros de *a* y *b* se refieren al color, que normalmente controlan sólo unos cuantos genes (como podría haber demostrado la experiencia pasada en pájaros), mientras que las principales diferencias entre

los miembros de *a* y los de *c* se refieren a la forma del pico, que normalmente es función de un sistema de genes muy complejo, como podría haber demostrado también la experiencia pasada. En tal caso, por la misma experiencia pasada, se podría dar mayor peso a los picos y sus cambios de forma, que al color y a sus cambios; lo cual parece ciertamente legítimo, dados los objetivos de los genetistas. Por consiguiente, como en las críticas anteriores en contra de la Taxonomía evolucionista, parecería que una condena general de la práctica de la ponderación es injusta. No se tiene que hacer un estudio completo de las características genéticas de cada organismo para hacer una clasificación genética; por el contrario, se pueden aplicar los resultados que se han encontrado válidos para unos cuantos organismos. Por otro lado, señalaríamos que la práctica de la ponderación no es siempre tan directa. En primer lugar, aun admitiendo la legitimidad de la ponderación, es difícil a veces ponerla en práctica. Por ejemplo, se puede conceder que la posesión en común de caracteres derivados merece el calificativo de alto peso; sin embargo, hay que decidir primero cuáles son los caracteres comunes derivados y cuáles son meramente rasgos ancestrales que todavía no se han perdido en ambos grupos. Si no contamos con un registro fósil, lo menos que puede decirse es que tal decisión no es fácil. En segundo lugar, aun cuando se pudiera decidir qué caracteres merecen el calificativo de alto peso y cuáles no, se presentaría todavía el problema de decidir qué peso habría de darse a los diversos caracteres. Por ejemplo, ¿puede considerarse de mayor peso una estructura compleja que un carácter inútil para una adaptación específica *ad hoc*? Como puede imaginarse, los taxónomos fenéticos se han apoderado de esta objeción y, considerándola insoluble, la utilizan como argumento en contra de la Taxonomía evolucionista. Sokal y Sneath, por ejemplo, escriben:

> Si admitimos la ponderación diferencial, debemos tener reglas exactas para estimarla. Debemos saber si el peso que se da a la posesión de plumas es dos, veinte o doscientas veces mayor que el peso dado a la posesión de garras y por qué. No conocemos ningún método para estimar esto y, aunque tal método se desarrollase, dudamos que algún sistemático tuviera la paciencia de utilizarlo, a causa de los cientos de caracteres que necesitaría (Sokal y Sneath, 1963, 119).

Los fenetistas tienen ciertamente aquí un buen punto a su favor; pero dudo que la situación sea tan mala como la pintan

Sokal y Sneath. En primer lugar, mediante un sistema de indicios y errores, los taxónomos evolucionistas llegarían, al parecer, a ciertos juicios aproximados acerca de la importancia relativa de los diferentes caracteres y sus combinaciones. Indudablemente, los evolucionistas no intentan normalmente cuantificar los distintos pesos de los diferentes caracteres, pero no parece haber ningún impedimento teórico para que lo hagan. Más aún, los fenetistas pueden difícilmente objetar el mero intento de asignar valores numéricos a los diferentes caracteres, porque, como veremos pronto, esto es justamente lo que ellos tratan de hacer. En segundo lugar, la ironía de Sokal y Sneath contra los sistemáticos que no tienen la paciencia de utilizar tal método de cuantificar el peso de las diferencias de los caracteres, parece un poco injusta. *A-priori,* no parece haber ninguna razón para que los evolucionistas sean menos pacientes que los fenetistas. Por supuesto, con esto no se niega que cualquier método de ponderación (incluso el que establezca reglas formales para asignar valores numéricos a caracteres diferentes) deje probablemente mucha libertad todavía al clasificador individual. Sin embargo, como veremos enseguida, este aspecto subjetivo de la Taxonomía evolucionista no es necesariamente tan terrible, como suponen los críticos de la Taxonomía evolucionista. Consecuentemente sugeriría que, aunque el enfoque genetista para clasificar los organismos en taxones superiores a la especie no carece ciertamente de obstáculos, sus críticos no han demostrado que presente dificultades insuperables.

7.4. El enfoque de los taxones de categorías superiores

Hemos visto que Mayr afirma que los evolucionistas usan el concepto de bioespecie por motivos de «objetividad». Sin embargo, continúa siendo verdadero que la crítica más corriente a todas las variantes de la Taxonomía evolucionista las acusa de «subjetivas» (esto es, que permiten que diferentes taxónomos lleguen a distintas clasificaciones). Situación —nos dicen los críticos— insostenible por completo, pues «la clasificación debe desembarazarse de los inevitables prejuicios individuales de los taxónomos ordinarios» (Sokal y Sneath, 1963, 49). Aunque la crítica se dirija a todas las clasificaciones evolucionistas, tiene en la mira principalmente la clasificación genealógica de los organismos en taxones superiores,

que favorece Simpson. Por lo tanto, comenzaré esta sección examinando el problema de la subjetividad en la Taxonomía evolucionista, que, al parecer, es origen de la libertad de elección que la Taxonomía evolucionista pone a disposición del taxónomo individual. Enseguida, consideraré una objeción específicamente encaminada a negar la posibilidad práctica de establecer una clasificación genealógica.

No puede negarse que la clasificación evolucionista de los organismos en taxones de categorías superiores deja un amplio espacio para las decisiones «subjetivas» del taxónomo individual (esto es, decisiones que exigen del propio taxónomo un grado mayor o menor de selectividad personal). Esto se aplica particularmente a la clasificación genealógica. Considérese su regla para separar un taxón de otros (del mismo rango) mediante una «distancia neta»: no sólo debe decidir por sí mismo cuán grande debe ser la «distancia neta», sino también si debe o no hacerse mucho hincapié en la necesidad de clasificar juntos los organismos contemporáneos, o si la clasificación debe hacerse siempre «verticalmente», esto es, colocando juntos en el mismo taxón a los ancestros y a los descendientes. Por ejemplo, dada la filogenia en la figura 7.2 para cinco especies $A - E$, cualquier división de las dos podría ser aceptable para el genealogista, que tiene que decidir cuál de ambas escoge.

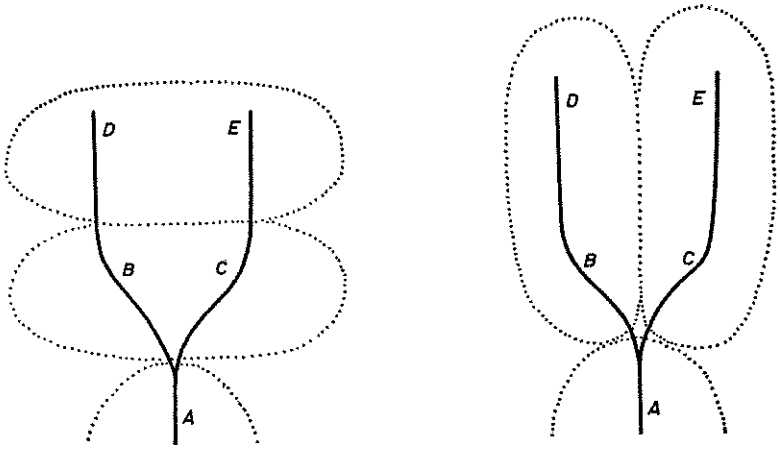

Figura 7.2.

(Las líneas punteadas muestran los límites de los géneros)

Por supuesto, los taxónomos evolucionistas no ignoran que sus clasificaciones son de naturaleza subjetiva. Como vimos, Simpson se encontraba en apuros para subrayar que las taxonomías evolucionistas sólo intentaban ser «coherentes» con las filogenias y no reflexiones únicas. Más aún, Simpson, que considera constantemente la Taxonomía tanto un «arte», como una «ciencia», escribe:

> La taxonomía es una ciencia, pero su aplicación a la clasificación supone grandes cantidades de inventiva e ingenio humanos; para abreviar, supone un arte. En éste, es posible proceder según el gusto e incluso las flaquezas personales, pero hay también cánones que ayudan a hacer algunas clasificaciones mejores, más significativas y más útiles que otras (Simpson, 1961, 107).

Por lo tanto, debemos contestar a la pregunta de si la gran libertad de que goza el taxónomo evolucionista (particularmente, el genealogista) para hacer sus clasificaciones hace necesariamente (como afirman las críticas) sus resultados finales poco valiosos. ¿Es verdad que deberíamos reemplazar la Taxonomía evolucionista a la primera oportunidad posible, puesto que carece de gran objetividad y repetibilidad (y, por tanto, podemos hacer, y de hecho hacemos, clasificaciones alternativas del mismo material)? Hay al menos tres razones para reivindicar cierta validez para la Taxonomía evolucionista, a pesar de la gran libertad que otorga al clasificador individual. En primer lugar, se debe ser muy cauteloso al exigir un grado demasiado elevado de objetividad y repetibilidad en cualquier ciencia. Es demasiado precipitada una condena de la Taxonomía evolucionista únicamente porque contiene elementos subjetivos; como veremos más adelante, lo mismo puede condenarse en la Taxonomía fenética, contrincante de la Taxonomía evolucionista. En efecto, como he sugerido antes, una ciencia de cualquier tipo totalmente objetiva es una quimera —una ciencia que eliminara toda traza de responsabilidad del científico y que no pudiera haber sido distinta de lo que es—. Todas las ciencias suponen implícitamente que se atiende a ciertos aspectos de la experiencia y se ignoran otros. Suponen la necesidad de idealizar en una forma, algunos objetos y, en forma diferente, otros. Requieren, para resumir, la decisión del científico de hacer algo, cuando legítimamente podría haber hecho otra cosa, aunque sólo sea porque el científico casi siempre elige la hipótesis más simple que pueda explicar los hechos, y esta decisión es claramente «subjetiva», pues se apoya en algo más de lo que se da simplemente «fuera».

Por supuesto, esto no oculta el hecho de que la Taxonomía evolucionista podría ser más exigente con el juicio personal del científico que las demás ciencias, pero condenar la Taxonomía evolucionista simplemente porque es parcialmente subjetiva (pues permite clasificaciones alternativas) equivale a condenarla porque no es operativa, (indudablemente, el error es probablemente el mismo, ya que el operacionalismo emprende invariablemente una guerra santa, bajo la bandera de la «objetividad).

La segunda observación que haremos en defensa de la clasificación (en taxones superiores), producida por los taxónomos evolucionistas es que, a pesar de la vaguedad de las reglas que ofrecen como articulaciones de sus prácticas, parecen estar sorprendentemente de acuerdo en cómo deberían aplicarse tales reglas (en concreto, están de acuerdo en que ciertas aplicaciones de esas reglas son válidas y otras no lo son). Pronto discutiremos las dificultades concomitantes a las aplicaciones prácticas de las rúbricas de los evolucionistas (en concreto de los genealogistas) para la clasificación en niveles superiores a la especie; pero señalemos aquí que las «distancias decididas» parecen muy comunes en la naturaleza, aun cuando los evolucionistas encuentran dificultades para explicar el significado exacto de «distancia decidida». Así, se podría evitar que nos engañe el lenguaje de los evolucionistas, llevándonos a pensar que su disciplina da a los taxónomos mayor libertad de la que realmente les otorga.

En tercer y último lugar, observemos que la libertad dada al taxónomo evolucionista no es necesariamente algo malo. Como Simpson insinúa en la cita anterior, los diferentes taxónomos evolucionistas podrían estar interesados en acentuar cosas distintas. Los neontólogos, por ejemplo, se interesarán primariamente en mostrar las semejanzas y diferencias entre los organismos vivientes. Por otro lado, los paleontólogos tienen mayor interés en expresar las relaciones entre organismos de diferentes épocas. Así las cosas, a ambos tipos de biólogos se les ha permitido perseguir sus intereses particulares y ofrecer sus clasificaciones alternativas. Ninguna forma (evolucionista) de clasificación es totalmente correcta; ninguna, totalmente errónea; más bien, cada una es útil a su propia manera. Por consiguiente, como acabo de sugerir, la subjetividad en el núcleo de la Taxonomía evolucionista —la libertad que da al taxónomo— tiene virtudes, aunque también defectos.

Llegamos ahora a la última cuestión empírica que quiero suscitar

acerca de la Taxonomía evolucionista. Si, como Simpson, se clasificara de una manera genealógica, habría entonces que considerar las filogenias de los organismos. Varios autores han hecho objeciones a toda regla de clasificación que presuponga cierto conocimiento de la Filogenia. Es típica la siguiente crítica de Sokal y Sneath:

> La dificultad de utilizar el enfoque filogenético en la Sistemática se manifestó después de la primera ola de entusiasmo, cuando ésta amainó; desde entonces, la dificultad ha quedado clara para todo observador atento. *No podemos hacer uso de la Filogenia para clasificar, porque, en casi todos los casos, las filogenias son desconocidas* (Sokal y Sneath, 1963, 21, subrayado por los autores).

La crítica es, en muchos aspectos, semejante a la que Ehrlich y Holm hacen de la definición de especie biológica; se parece también, en fuerza y debilidad a la crítica de Ehrlich y Holm. Deberá recordarse que éstos objetaban incluso el empleo de generalizaciones inductivas. La crítica de Sokal y Sneath mencionada más arriba, parece contener una objeción parecida; por esta razón, debería señalársele un defecto semejante. Sokal y Sneath arguyen que al no conocer una filogenia concreta, no la podemos utilizar para clasificar, pero no dan ninguna razón para que, *en principio,* no se pueda argumentar sobre filogenias desconocidas partiendo de filogenias conocidas. Simpson querría hacer precisamente esto, cuando emplea las suposiciones de que el número de caracteres comunes tiende a ser proporcional a la novedad del ancestro común y, por el contrario, los grados de divergencia tienden a ser proporcionales a la antigüedad del ancestro común. Su argumento parte de filogenias conocidas para las que son válidas estas suposiciones, para llegar a las filogenias desconocidas para las que, en su opinión, también son válidas. La sola acción de utilizar tales generalizaciones no es más condenable en los taxónomos evolucionistas que en los físicos o químicos.

Sin embargo, dicho esto, Sokal y Sneath tienen ciertamente razón al afirmar que las generalizaciones concretas empleadas por los genealogistas, se prestan prácticamente a ponerlas en duda. Precisamente como las especies hermanas y politípicas crean dificultades a nivel de especie, así los grupos cuyos miembros cambian rápida o lentamente muestran que generalizaciones como las utilizadas por Simpson, no son totalmente fidedignas. Con todo, un genealogista como Simpson tiene seguramente razón al afirmar que, por término medio, el cambio en un carácter es proporcional

a la duración del tiempo evolutivo y, como en el caso de la especie, los genealogistas pueden invocar hipótesis especiales para tratar casos concretos. Si, por ejemplo, saben (por las filogenias conocidas) que ciertos organismos están evolucionando (o han evolucionado) a un ritmo particularmente rápido o lento, podrían legítimamente alegar que las mismas proporciones especiales se mantienen para otros organismos parecidos, en aspectos pertinentes, a aquellos cuya filogenia es conocida. Por ejemplo, supongamos que supo por pruebas filogenéticas, que cierto tipo de adaptación en mamíferos puede desarrollarse rápidamente frente a ciertos cambios ambientales drásticos. Supongamos también que se descubrió que un grupo de mamíferos con tales adaptaciones al ambiente, conocido recientemente, ha cambiado en aspectos que vienen al caso. Aunque la filogenia de este grupo concreto pueda ser desconocida, parece legítimo (si todo lo demás se mantiene igual) que los taxónomos infieran que la evolución de las adaptaciones de este grupo fue rápida y utilizan tal información pertinente en sus clasificaciones. Y podrían decir con propiedad que sus clasificaciones de este grupo son reflexiones filogenéticas, aun cuando la única información directa que tuvieran, fuese la Morfología (por supuesto, aun cuando fuera únicamente la Morfología la que les condujo a suponer que se trataba primariamente de mamíferos). Por lo tanto, como sucede en la mayor parte de las críticas hechas en contra de la Taxonomía evolucionista, hay cierta verdad en las afirmaciones de los críticos, pero no tanta como creen éstos.

7.5. La paradoja de Gregg

Hasta ahora, en este capítulo sólo me he ocupado de la naturaleza del contenido empírico que los taxónomos evolucionistas tratan de introducir en sus clasificaciones. Quiero ahora examinar una crítica que va más directamente en contra de la estructura real del sistema linneano, aunque, como veremos, el contenido empírico de este sistema no carece totalmente de importancia.

Algunas veces se encuentra en las clasificaciones evolucionistas un taxón *monotípico:* es un taxón que incluye únicamente un taxón del nivel inmediato inferior. El caso más conocido de clasificación monotípica es la de los cerdos hormigueros, cuyo orden Tubulidentata incluye una única especie, de tal modo que el orden Tubulidentata familia Orycteropodidae y género *Orycteropus* son todos

monotípicos, pues tienen exactamente los mismos miembros que la especie *Orycteropus afer*. Los evolucionistas utilizan los taxones monotípicos de tal modo que puedan mostrar que animales como los cerdos hormigueros están, desde un punto de vista evolutivo, muy alejados de todos los demás organismos vivientes. Sin embargo, varios teóricos de la teoría de conjuntos —Gregg (1954), en primer lugar— han objetado que los taxones monotípicos violan uno de los axiomas principales de la *teoría de conjuntos*, a saber, el *axioma de la extensionalidad*, que establece que las clases que tienen los mismos miembros, son la misma clase. Pero los evolucionistas, sin la menor duda, no quieren afirmar que el orden Tubulidentata y la especie *Orycteropus afer* son la misma clase, aunque contengan los mismos miembros. Uno es un taxón con categoría de orden y el otro es un taxón con categoría de especie, para el sistema linneano la premisa básica es que un taxón no puede pertenecer a dos categorías (y, de forma similar, un organismo no puede pertenecer a dos taxones de la misma categoría). Por tanto, nos encontramos en un callejón sin salida, conocido como «paradoja de Gregg».

La paradoja parece en realidad tener dos salidas: o se hace que la Taxonomía encaje en la teoría de conjuntos, o se hace que la teoría de conjuntos encaje en la Taxonomía. Varios han intentado tomar la primera trayectoria. Sklar (1964) sugiere que cada taxón linneano debe reemplazarse por una clase que contenga todos los organismos del taxón, además de cierto número de miembros de un conjunto de objetos escogidos arbitrariamente: $a_1, ..., a_n$ (a no simboliza necesariamente organismos). Cada nuevo taxón de rango i contendrá $a_1, ..., a_i$. Por lo tanto, cuando se tenga un taxón linneano (de rango i) incluido en otro taxón linneano (de rango $i+1$), se tendrá una relación parecida para los nuevos taxones. Sin embargo, ningún nuevo taxón de rango i puede contener los mismos miembros que el taxón de rango $i+1$, porque éste contendría a $a_i + a_1$, que el taxon de rango i no contendría. Por tanto, la dificultad de la clasificación monotípica desaparece.

El problema con esta solución es que, como admite el propio Gregg (1967), ya no tenemos un sistema muy aceptable para los taxónomos. Los taxones de los taxónomos no contienen las *aes* arbitrariamente escogidas. Gregg sugiere una solución: que los taxones monotípicos contengan siempre un organismo además de sus taxones incluidos; pero, sin embargo, como se ha señalado,

si la teoría evolucionista es verdadera, todos los taxones monotípicos dejarían de serlo, si pudiéramos descubrir todos los organismos que han existido en todas las épocas (los cerdos hormigueros, por ejemplo, pudieran tener especies ancestrales incluidas en el orden Tubulidentata). Ninguna de las soluciones, a expensas de la Taxonomía evolucionista, parece muy satisfactoria. El meollo de la Taxonomía evolucionista está en que los taxones sean algo más que simples colecciones de cosas, que es la única forma en que puede tratarlos una teoría de conjuntos extensional. Más aún, no se trata de que los evolucionistas quieran utilizar los taxones para hacer deducciones formales extensivas —y, por lo tanto, no se ganaría mucho, alterando la Taxonomía en función del poder de la teoría de conjuntos conferido por la adopción del axioma de extensionalidad.

Por tanto, sugiero que una solución satisfactoria de la paradoja de Gregg debería atender explícitamente a la naturaleza y realizaciones de la Taxonomía evolucionista. Concretamente, respecto a los taxones, el axioma de extensionalidad debe suspenderse para admitir que los taxones de diferente rango (que son, por tanto, diferentes) puedan tener los mismos miembros. Esto es posible si se admite que los nombres de los taxones tengan definiciones «*intensionales*» más que definiciones *extensionales,* como requiere la teoría de conjuntos. Esto significa que los nombres de los taxones pueden definirse especificando cierto número de propiedades requeridas para la pertenencia al taxón, más que enumerando solamente sus miembros. Por supuesto, las definiciones que utilizan de hecho los taxónomos evolucionistas, son las «intensionales». En vez de establecer que el taxón *Homo sapiens* está formado por Michael Ruse, John Gregg, Pierre Trudeau, etc., se especifica cierto número de propiedades necesarias para ser miembro del taxón. Así, el *Homo sapiens* es lampiño, bípedo, con cerebro de gran volumen, etc. (Realmente, como se mencionó antes, los evolucionistas probablemente no establecen ninguna de estas propiedades como condiciones absolutamente esenciales para ser miembro del taxón.) Si los taxónomos evolucionistas no debieran utilizar definiciones «intensionales», a duras penas podrían obtener el taxón más simple (especialmente si admiten que la pertenencia al taxón pudiera ser en potencia infinitamente grande), porque, dado cualquier taxón, deben tomarse decisiones totalmente nuevas respecto a todo objeto encontrado, para averiguar si es miembro o no lo es.

Pero, si admitimos que los nombres de los taxones pueden definirse «intensionalmente», la paradoja de Gregg deja entonces de presentar dificultades. Aunque un taxón monotípico no tenga más miembros que el único taxón incluido, los dos taxones se mantendrán separados por el hecho de presentar diferentes requisitos para sus miembros. Así, por ejemplo, supongamos un taxón de rango $n+1$ que incluye un solo taxón de rango n. El taxón de rango $n+1$ podría requerir de sus miembros A_1 ..., A_i. El taxón de rango n exigirá todos estos requisitos (A) y *algunos más*. Por tanto, sus miembros cumplen unos requisitos A_1, ..., A_i, A_j, ..., A_m. Es lógicamente posible que haya otros organismos con las propiedades A_1, ..., A_i, pero sin las propiedades A_j, ..., A_m. Consecuentemente, la paradoja de Gregg ya no es paradoja, pues, aunque los taxones de diferente rango tienen los mismos miembros, los requisitos para la pertenencia, que son diferentes, los mantienen separados (Cf. también Buck y Hull, 1966, 1969; Gregg, 1968; Ruse, 1971c).

Capítulo 8

TAXONOMIA II

EL DESAFIO FENETISTA

Si, como ha afirmado Ghiselin (1966), entusiasta partidario de la Taxonomía evolucionista, ésta «resume todo lo que hay de *significativo* en la Filogenia», debe reconocerse que no lo hace con mucha precisión. Algunos críticos de la Taxonomía evolucionista opinan que los defectos de ésta son tan profundos, que apenas habría esperanza de corregirlos, y, en consecuencia, han desarrollado un sistema taxonómico propio. Debo confesar mi incapacidad para ver claramente los fines más importantes de esta nueva Taxonomía «fenetista». A veces parece ser que el fin primario es la producción de un sistema taxonómico «objetivo» y «repetible» (es decir, un sistema en el que el clasificador individual no tenga poder decisorio), que conduzca a muchas predicciones válidas. Otras veces, el fin primario parece la producción de un sistema taxonómico, capaz de medir una semejanza física total que los taxonomistas fenéticos llaman «semejanza fenética» para distinguirla de la semejanza «genética». Pero, cualquiera que sea la razón principal del reemplazo de la Taxonomía evolucionista que intenta hacerse, invariablemente los nuevos taxónomos abogan por una Taxonomía que supuestamente incorpora, en cierto sentido, ambos fines. Esto es, se la supone objetiva, repetible, repleta de predicciones y basada, de algún modo, en la semejanza fenética. Consecuentemente, para los taxónomos fenetistas, carece de importancia tanto la historia

filogenética de los organismos, como su conformación genética. En este capítulo, consideraré en primer lugar los más importantes aspectos de la Taxonomía fenética, como la presentan fundamentalmente Sokal y Sneath en *Principles of Numerical Taxonomy* [*Principios de Taxonomía numérica*]. Después consideraré las reacciones de los taxónomos evolucionistas al respecto y finalmente me referiré brevemente a la naturaleza y fines de los sistemas taxonómicos.

8.1. Taxonomía fenetista

Los principios y métodos básicos de la Taxonomía fenetista son bastante fáciles de entender. Se parte de cierto número de organismos por clasificar. Se considera que estos organismos, conocidos como «unidades operacionales taxonómicas» (UOT, en siglas) son analizables en muchos caracteres diferentes (40 a 60 como mínimo). Se supone que las similitudes y diferencias entre los organismos son una función directa de las similitudes y diferencias entre sus caracteres. Se diseña una matriz que muestre las diversas similitudes y diferencias entre los organismos (según se calcularon a partir de las similitudes y diferencias entre sus caracteres) y luego se usan varias técnicas para descubrir y esquematizar la estructura de la matriz. Las técnicas usadas son generalmente numéricas y, a menudo, llamadas en conjunto, «análisis de grupos». Como veremos, hay diferentes tipos de análisis de grupos, pero «el aspecto común importante de todos estos métodos es que todos ellos permiten la delimitación de los grupos taxonómicos de una *manera enteramente objetiva*» (Sokal y Sneath, 1963, 53).

Continuando ahora esta breve descripción de los fines y métodos de la Taxonomía fenética, examinemos con un poco más de detalle algunos de sus pasos más importantes. Primero, la cuestión del tipo de organismo por clasificar. Segundo, el problema del tipo de carácter por escoger. Tercero, el problema de decidir cómo estimar la «semejanza» (es decir, similitudes y diferencias) entre los organismos completos (UOT), dada la «semejanza» entre sus caracteres. Cuarto, el problema del tipo de análisis de grupos por utilizar. Finalmente, la cuestión de cómo presentar al público nuestros hallazgos. En este momento, omitiré la primera cuestión y consideraré como supuestos los organismos, objeto del estudio fenetista. En la siguiente sección, consideraré cómo los fenetistas podrían elegir las muestras que clasifican. Quiero considerar aquí

por turno los pasos sucesivos y, para empezar, la elección de los caracteres por codificar.

Sokal y Sneath llaman a las unidades básicas de información en que basan su Taxonomía «caracteres unitarios», que definen como caracteres taxonómicos «de dos o más estados que, según los estudios disponibles, no pueden ser lógicamente subdivididos sin cambiar el método de codificación, que sólo así podría dar lugar a otra subdivisión» (Sokal y Sneath, 1963, 65). Es importante anotar desde el principio, que no todo caracter de un organismo puede ser un carácter unitario; algunos son inadmisibles. Ejemplos de tales caracteres son caracteres *sin significación,* atributos que no reflejan los genotipos de los organismos (por ejemplo, los nombres de los especímenes), «caracteres cuyas respuestas al entorno son tan variables, que no es posible decidir si están determinados por el entorno o genéticamente determinados» (Sokal y Sneath, 1963, 66); caracteres *invariables,* que no varían en la totalidad de la muestra, y caracteres que están *muy correlacionados empíricamente.* Ejemplo de estos últimos caracteres es el rosado de los ojos y la piel blanca de los albinos. «La estrecha correlación entre los ojos rosados y la piel blanca de los albinos totales, sería contado en la mayor parte de los vertebrados, como un caracter singular, pues la ausencia total de pigmentación implica la falta de pigmentación en la retina» (Sokal y Sneath, 1963, 68).

Ahora bien, aunque parece que algunos caracteres diferentes a aquéllos definitivamente calificados de «inadmisibles» podrían ser usados como parte de la fundamentación de un análisis fenético y aunque, como vimos en el último capítulo, se considera reprensible ponderar ciertos caracteres, no debe pensarse que ahora se podría avanzar usando los caracteres admisibles como bases de una matriz de «semejanza». Ciertos tipos de carácter deben ser tratados con cuidado, pues, de otro modo, podríamos tener por resultado una estimación algo distorsionada de la importancia del carácter. Esto es particularmente verdad respecto al tamaño de un organismo (o tamaño de parte de un organismo), pues puede variar mucho con la edad. En tales casos de caracteres que varían enormemente (en tamaño) dentro de una muestra, donde, sin embargo, no se querrían ordenar los caracteres inadmisibles, porque su variación fuera sólo una función del entorno, podría ser mejor a veces usar algún tipo de escala logarítmica de medida para evitar distorsiones indebidas (pues, como se sabe, a veces el tamaño

varía según una función logarítmica). Así pues, en tal caso, no se daría un peso indebido al tamaño grande, sólo porque es muy grande. De modo similar, se debe tener cuidado cuando las diferencias entre organismos pudieran formularse en términos de una simple función matemática de transformación. Por ejemplo, frente a la figura 8.1, nuestra primera impresión podría ser que las dos hojas difieren de muchas maneras. Sin embargo, la transformación de la plancha muestra que la forma de (b) es una función simple de la forma de (a). Las diferencias entre estas dos hojas deberían formularse en términos de esta función más que en términos de todas las diferencias absolutas que se pudieran encontrar. Por lo tanto, puede verse por estos ejemplos que, aunque la ponderación como tal no está permitida, se exige a veces, una cierta «transformación» de las figuras.

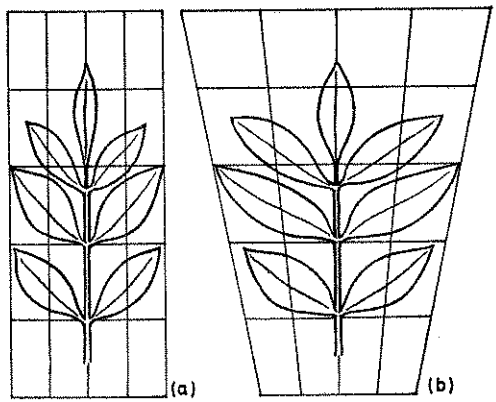

Figura 8.1.

(De Sokal y Sneath, *Principles of Numerical Taxonomy* [«Principios de Taxonomía numérica»], Freeman y Cía.)

Finalmente en este análisis de la naturaleza de los caracteres unitarios, señalemos que éstos deberían ser derivados sin prejuicios, a partir de una gama de aspectos del organismo tan amplia como sea posible. Esta gama incluye caracteres morfológicos, caracteres fisiológicos, caracteres de comportamiento, caracteres ecológicos y de distribución. Como se anotó antes, también se debería tender a un mínimo de unos 50 caracteres. Sokal y Sneath admiten que cuantos más caracteres se estudien, tanto más se consigue de infor-

mación. Pero ellos mismos se refieren a lo que llaman «la hipótesis de los enfrentamientos asintóticos». Pasado cierto tiempo, el valor de la nueva información obtenida de cada carácter nuevo se abandona totalmente y la búsqueda de nuevos caracteres difícilmente continúa valiendo la pena.

Con esto pasamos ahora al siguiente aspecto principal de la Taxonomía fenética, a saber, el problema de estimar la «semejanza» fenética entre las UOT. Difícilmente sería aquí apropiado intentar un análisis completo de todos los variados aspectos implicados en la estimación matemática de la «semejanza» fenética; sin embargo, debería señalarse que hay, al parecer, varios enfoques y que, aunque ninguno de éstos es en sí mismo evidentemente el correcto, tampoco ninguno es, en sí mismo, evidentemente inválido. Algunos enfoques son más fuertes y otros más débiles comparativamente. Muchos de estos enfoques dependen de una noción de distancias taxonómicas entre las coordenadas de dos puntos (la raíz cuadrada de la suma de los cuadrados de las diferencias individuales, por ejemplo). Otros enfoques, quizá las maneras más obvias de tratar de calcular la «semejanza» taxonómica entre las UOT, implican lo que Sokal y Sneath llaman «coeficientes de asociación». Se trata aquí de formular la relación entre las UOT como una fracción simple en que se compara alguna función de las diferencias y similitudes entre los caracteres unitarios con otra función de las diferencias y similitudes. Así, por ejemplo, supongamos que hay dos UOT analizadas en n caracteres unitarios, que coinciden en m de estos caracteres y difieren en u. Tres posibles caminos de cuantificar la relación de «semejanza» de las UOT son los siguientes:

(1) $S_{SM} = m/(m+u) = m/n$
(2) $S_{RT} = m/(m+2u) = m/(n+u)$
(3) $S_H = (m-u)/n$

El primer camino sólo compara el número de caracteres enfrentados con el número total de caracteres, el segundo y tercer caminos dan bastante más peso a los caracteres no enfrentados. (S_{SM}, S_{RT}, S_H son nombres de las tres cuantificaciones diferentes de la relación de «semejanza».)

Como se acaba de señalar arriba, los taxónomos fenetistas no considerarían ninguno de estos caminos particulares de cuantificar la relación entre las dos UOT, como el *único* camino de cuantificar la relación. Más bien, elegirían el camino que se adaptara mejor a

las circunstancias particulares. Así pues, supóngase, por ejemplo, un conjunto de UOT y 100 caracteres unitarios. Si las UOT fueran tales que el número de caracteres enfrentados entre las UOT variase en toda la gama (es decir, desde caracteres casi totalmente enfrentados hasta caracteres casi no enfrentados), el simple coeficiente de enfrentamiento S_{SM} podría entonces ser apropiado. Se podrían obtener proporciones de casi 0 hasta casi 1. En cambio, si el número de caracteres enfrentados se considera en conjunto, con una variación, digamos, de 70 a 100, sería preferible uno de los otros coeficientes, de modo que la gama de proporciones de similitud estuviera más uniformemente distribuida. Presuntamente, si el número de caracteres enfrentados fuera mayor de 90 y descendiera hasta 70, se preferiría el coeficiente S_{RT}; pero si el número de comparaciones estuviera uniformemente distribuido entre 70 y 100, se preferiría el coeficiente S_H. Unicamente podemos concluir definitivamente que, cualquiera que sea el coeficiente elegido —uno de los mencionados ya, u otro escogido para estimar la «semejanza» de modo distinto sin usar un coeficiente de asociación—, es patente que la Taxonomía fenética deja al clasificador considerable libertad para una elección personal.

Esto me lleva ahora al cuarto paso de la Taxonomía fenética: el agrupamiento conjunto de los coeficientes de similitud. De nuevo, observamos que aquí también el clasificador tiene considerable libertad, pues, después de considerar varios caminos de agrupamiento, Sokal y Sneath concluyen que «cada método de agrupamiento descrito en la sección anterior, es válido por derecho propio, si se aplica consecuentemente» (Sokal y Sneath, 1963, 190). El camino más simple de agrupar es probablemente lo que ellos llaman agrupamiento de «vinculación singular». En primer lugar, este método agrupa a los que tienen el coeficiente de similitud más alto posible, luego rebajan por grados iguales el nivel de admisión. Así, dadas cinco UOT, se podría conseguir el resultado siguiente:

S	*OUT*
0,99	1,2
0,98	1,2,3 4,5
0,97	1,2,3 4,5
0,80	1,2,3,4,5

Tenemos aquí que las UOT 1 y 2 juntas se agregan con un valor de similitud de 0,99, la UOT 3 se les agrega con 0,98 y las UOT 4 y 5 se les agregan con 0,98, y finalmente tenemos las cinco UOT agrupadas conjuntamente con 0,80.

Ahora bien, dado este tipo de agrupamiento, debería señalarse que la admisión de una UOT, o de un grupo dentro de otro, es lo que podríamos llamar el criterio de vinculación singular. Queremos decir con ello que, si el nivel de similitud de 0,88 admitiese una UOT en un grupo, una vinculación singular a ese nivel con cualquier miembro de ese grupo sería suficiente para garantizar la admisión. De manera similar, cualquier par de UOT (uno en cada uno de los dos grupos) relacionado, al nivel crítico, hará que los grupos se junten. Así, mientras dos grupos pueden estar unidos por esta técnica sobre la base de una sola ligadura, muchos de los miembros de los dos grupos pueden estar muy alejados unos de otros (Sokal y Sneath, 1963, 180-1).

Para solucionar el problema, Sokal y Sneath presentan caminos más sofisticados de agrupación. Algunos son variantes de los métodos de vinculación singular; otros utilizan métodos más complejos. Un método, por ejemplo, requiere que una UOT esté relacionada con cada miembro de un grupo antes de que se la admita en éste. (Esto se conoce con el nada sorprendente nombre de agrupación de «vinculación completa».) No necesitamos discutir estos otros métodos en detalle, pero podemos simplemente señalar que, como es costumbre, se da considerable libertad al clasificador y, como queda señalado, Sokal y Sneath afirman explícitamente que, en sí mismo, ningún método es mejor que otro.

Finalmente, se da el problema de presentar los resultados de los agrupamientos, que se hace frecuentemente por medio de un *dendrograma.* Un dendrograma ocupa el cuadrante positivo de un gráfico —la abscisa no tiene ningún significado y se usa sólo para separar las UOT; la ordenada es una escala con coeficientes de similitud de 0 a 1 (o de 0 a 100 o a 1.000 para evitar decimales). Cuando 2 UOT o 2 grupos de UOT tienen un coeficiente de similitud que exige su agrupación conjunta, ello se muestra juntando las líneas descendentes desde las UOT o grupos de UOT. Aunque los dendrogramas se hacen ordinariamente con las ordenadas en vertical, nada impide que fueran horizontales.

La figura 8.2 es un ejemplo muy simple de un dendrograma trazado para mostrar las relaciones entre siete UOT.

Como puede verse, las UOT 1 y 2 están vinculadas sobre un valor de similitud de 90, la 3 se une a ellas aproximadamente

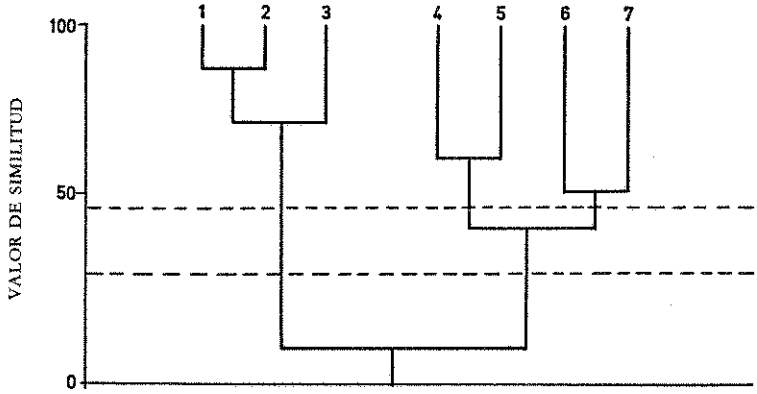

Figura 8.2.

a 80 y el grupo formado por las tres, se une finalmente a otro grupo de UOT alrededor de 10.

Es posible trazar en los dendrogramas líneas paralelas a la abscisa. Estas son llamadas «líneas fenón». (En la figura 8.2 hay líneas fenón alrededor de 25 y 45.) De los grupos unidos a niveles no más bajos de *X* se dice que pertenecen a un «fenón *x*». Así, las UOT 1, 2 y 3 (tomadas en conjunto) pertenecen a un fenón 45, a un fenón 25 y, de hecho, a un fenón de nivel inferior a 80. Las UOT 4, 5, 6 y 7 (tomadas en conjunto) pertenecen, en cambio, sólo a fenones de niveles menores de 40 aproximadamente. De ahí que, como podemos ver, en cierto sentido, la Taxonomía fenetista (en cuanto usa de los dendrogramas) es muy similar a la Taxonomía evolucionista. Aquella asigna organismos a clases que no coinciden y se agrupan jerárquicamente y, por lo tanto, no rompe enteramente con la estructura formal de la Taxonomía evolucionista. Sin embargo, en otro sentido, la Taxonomía fenetista difiere enormemente de la Taxonomía evolucionista. Mientras que la Taxonomía evolucionista tiene sólo un limitado número de niveles de taxones en los cuales colocar organismos, la Taxonomía fenetista permite colocar organismos en un número ilimitado de fenones —de hecho, tantos como uno quiera—. Y desde luego, no hace falta decir que hay una diferencia fundamental entre un «árbol» evolucionista (como el de la figura 7.2) y un

dendrograma a primera vista similar. El primero intenta mostrar relaciones filogenéticas, mientras el segundo no las muestra en absoluto (aunque posiblemente la información que incorpora, podría ser usada luego como base de inferencias sobre tales relaciones).

Con esto termina mi breve exposición de la Taxonomía fenetista. Pasemos ahora a las críticas que los taxónomos evolucionistas hacen de este nuevo tipo de Taxonomía.

8.2. La réplica evolucionista a la Taxonomía fenetista

Como podía imaginarse, los taxónomos evolucionistas no han sido menos severos en su juicio sobre el valor de la Taxonomía fenetista, que los taxónomos fenetistas en su juicio sobre el trabajo de los taxónomos evolucionistas. Un crítico de *Principles of Numerical Taxonomy* [*Principios de Taxonomía numérica)* concluye que «después de haber leído este libro cuidadosamente, mi ponderada opinión es que la Taxonomía numérica es una excursión por la futileza» (Ross, 1964, 108). En esta sección, pretendo examinar tres críticas hechas a la Taxonomía fenetista. Sugiero que los taxónomos fenetistas pueden replicar con éxito a dos de ellas, si bien la tercera presenta una mayor dificultad.

La primera crítica observa que la Taxonomía fenetista no es «significativa». Reacción ésta, sin duda, muy común en los taxónomos evolucionistas, bien expresada por Delevoryas, que escribe:

> Me parece que la meta final a la que deberían tender todos los biólogos, es a una comprensión del curso de la evolución. No importa qué nuevos desarrollos hayan sido dados a luz por los estudios biológico-moleculares, por las investigaciones ecológicas o por otras incontables disciplinas biológicas. Estas nuevas ideas son realmente sólo medios para entender un problema de escala mayor.
>
> En intentos de clasificar organismos, por lo tanto, un sistema basado en conceptos de relaciones y descendencias sería, al parecer, la meta más valiosa. Si un sistema no es filogenético, no tiene realmente significado. Si un sistema no es filogenético, no puede realmente ser juzgado «mejor» o «peor» que otro que no lo sea. No tiene realmente importancia argumentar sobre los méritos relativos de esquemas artificiales diversos (Delevoryas, 1964).

Otros taxónomos evolucionistas se han hecho eco de las palabras de Delevoryas. Precisamente Simpson, que, al justificar su fidelidad a los métodos y principios de la Taxonomía evolucionista, se declara a favor de un «sistema natural» y concluye, por tanto, que «brevemente, si una clasificación natural puede llevarse a cabo

significativamente, debe ser realizada por la clasificación evolucionista» (Simpson, 1961, 57).

A veces, no es fácil escapar a la impresión de que, cuando estos críticos de la Taxonomía fenetista la condenan así, lo único que están haciendo es etiquetar, *a-priori,* la clasificación evolucionista como la única verdadera clasificación «significativa» y rechazar la Taxonomía fenetista, porque ésta (como es natural) no está de acuerdo con sus postulados. Sin embargo, suponiendo que sus críticas no sólo tengan ese fundamento, tratemos de descubrir la razón real subyacente: a mi modo de ver, una diferencia de opinión acerca del verdadero objetivo de la clasificación orgánica. Ambos taxónomos —los evolucionistas y los fenetistas—, coinciden en reconocer ciertos objetivos de la clasificación, pero difieren en uno crucial. Ambas partes, por ejemplo, coinciden en que la clasificación debe proveer de un mecanismo *compensador* que permita archivar colecciones orgánicas en cierto tipo de orden, de modo que no sea necesario gastar mucho tiempo buscando el especimen deseado. Ambas partes están también de acuerdo en que un sistema clasificatorio debería tener un gran valor *predictivo.* Tan pronto como se identifica un organismo como «ave», se puede hacer gran número de predicciones sobre su circulación, esqueleto, hábitos reproductivos, etc. Como se tiene una clasificación, no es necesario descubrir cada cosa de nuevo, cada vez que se encuentra un nuevo organismo, pues la clasificación permite predecir las propiedades del nuevo organismo.

Empero, aunque tanto los taxónomos evolucionistas como los fenetistas están acordes en los objetivos de compendiar y predecir que tiene una clasificación, difieren en un tercer objetivo, a saber, el valor *explicativo* posible de una clasificación. Para los taxónomos evolucionistas, una clasificación debe contener cierto tipo de explicación implícita (esto es, debe explicar porqué los organismos son como son); en cambio, los taxónomos fenetistas, aunque no niegan que sus clasificaciones puedan ser muy útiles en la búsqueda del por qué los organismos son como son, se niegan a aceptar la norma de que una clasificación deba necesariamente tratar de reflejar las causas subyacentes de la diversidad orgánica. Así, por ejemplo, Mayr argumenta:

Para el científico taxónomo, el significado más importante de una clasificación es que constituya una teoría científica, con todas las cualidades de una teoría

científica. En primer lugar, tiene un valor explicativo que determina las razones de los atributos de los taxones, de las distancias que los separan y de la jerarquía de las categorías... Se arguye muchas veces que los aspectos descriptivos y explicativos de las clasificaciones deberían estar netamente separados. Ello es imposible. Una buena clasificación de organismos es automáticamente explicativa (Mayr, 1969, 79).

En contra de esta postura, el taxónomo Michener, en la sección titulada «¿Debería el sistema de clasificación contener un elemento explicativo?», de su ensayo en favor de la Taxonomía fenetista, concluye: «Brevemente entonces, para responder a la pregunta planteada en el título de esta sección, la clasificación y su explicación deberían estar separadas» (Michener, 1963, 79).

El cargo de «poca significación» surge, en mi opinión, de esta diferencia acerca del objetivo de una clasificación orgánica. Nadie niega que la razón de las diferencias orgánicas esté en una genética que, en algún modo, refleja el pasado de los organismos; la diferencia de los taxónomos está en la respuesta a la pregunta de si las clasificaciones deberían considerar esta razón explicativa. Los taxónomos evolucionistas responden con fuerza que se debería y que, por tanto, cualquier clasificación que no lo haga, no es, en cierto sentido importante, «significativa», pues omite la realización de la tarea más importante que debería llevar a cabo una clasificación.

¿Tienen razón los taxónomos evolucionistas al condenar a los fenetistas por no intentar siquiera incorporar a sus sistemas un elemento explicativo? Mi opinión personal es que no, pues, contrariamente a Mayr, no creo que en sí mismo, un sistema de clasificación sea una teoría (aunque, como clasificación evolucionista, pudiera estar inspirada por una teoría y serle útil). Una clasificación es una división basada en un conjunto de reglas y, por ello, no es ni verdadera ni falsa (como lo es una teoría). Esto no significa que, si, por ejemplo, los taxónomos evolucionistas pueden demostrar que la Taxonomía fenetista es inferior a la Taxonomía evolucionista a la hora de compendiar el material o predecir cosas, la Taxonomía fenetista no sea, entonces, a este respecto, un juego limpio. El vino se cata bebiéndolo. Si los taxónomos fenetistas no pueden hacer lo que se han proclamado capaces de hacer, quedan, entonces, con razón expuestos a la crítica. Sin embargo, parece un poco injusto condenarlos sin más por no hacer algo que nunca se han propuesto. Se puede pensar que sus sistemas

son limitados y que, si no llegan a ser de gran valor para compendiar o predecir, sus sistemas son inútiles; pero ello difícilmente prueba que sus sistemas no sean significativos.

Más aún, antes de que los taxónomos evolucionistas concluyan que todo esto es una disputa meramente verbal («limitado», «inútil», «no-significativo», el punto esencial en cuestión es que un sistema que se utiliza para predecir y no explica, es necesariamente inválido) deberían tener en cuenta que algunas cosas, utilizadas para predecir, no explicativas, han tenido ciertamente mucha validez. Los babilonios predijeron con un éxito increíble los movimientos del cielo, pero lo hicieron de una manera enteramente aritmética, tratando los movimientos celestes como variables independientes que se podían descubrir, y computando sus diversas interacciones. No intentaron de ningún modo explicar lo que estaban prediciendo (a diferencia de los jónicos, que «explicaban» el cielo con gran deleite, pero difícilmente podían predecir algo). Así pues, al parecer, el precedente pasado autorizaría a los taxónomos fenetistas a abstenerse legítimamente de construir sistemas explicativos. De otro modo, se debe rechazar que la astronomía babilónica tuviese algún valor, y hacerlo constituiría un ejemplo clásico de la táctica consistente en renunciar a un logro científico propio para causar a otro un daño filosófico (Cf. Toulmin, 1961).

La segunda crítica a la Taxonomía fenetista que quiero discutir, ha sido hecha por Ghiselin. Este piensa que es filosóficamente objetable el intento global de los taxónomos fenetistas de cuantificar las diferencias y similitudes fenéticas entre organismos. Ghiselin opina que lo central de este intento es la suposición errónea de que la similitud es una propiedad intrínseca de los organismos (como la masa es una propiedad intrínseca de los objetos). En virtud de esta suposición, los taxónomos fenetistas creen poder cuantificar la similitud para comparar las similitudes de los organismos, como se puede cuantificar la masa para comparar las masas de los objetos. Ghiselin arguye contra esta postura del modo siguiente:

> La similitud es una relación; las cosas no tienen dos veces la relación de similitud como tampoco son dos veces «tan próximas a»... Cuando digo que las ratas son similares a los ratones, no quiero decir que están compuestas por un número equivalente de entidades comparables. Si alguien dice que dos organismos difieren en un 75 por ciento, en una muestra de caracteres, mientras otros dos difieren sólo en un 65 por ciento de éstos, no puede significativa-

mente asegurar que alguno de estos pares posea una cantidad mayor de diferencias, en el mismo sentido en que puede decirse de un animal que tiene mayor masa que otro. Se podría tener una cifra, igualmente significativa, por adición de dos naranjas, un vaso de agua y cierto número de teléfono. Si se va a medir, nuestras unidades deben ser equivalentes. Los organismos no están compuestos de un número finito de ladrillos equivalentes que puedan ser considerados unidades de similitud; una cola larga y una nariz roja simplemente no pueden compararse. Por lo tanto, se pueden erigir sistemas de clasificación abarcando clases diferenciadas en términos de similitud en características particulares, pero no se pueden comparar dos sistemas sino en cuanto las partes muestren un orden correspondiente. Por esta razón... la similitud cuantitativa es una ilusión metafísica (Ghiselin, 1966, 214).

Ahora bien, señalemos de inmediato que, aparte toda otra cosa, si la crítica de Ghiselin es válida, la versión de Mayr de la Taxonomía evolucionista tiene entonces mayores dificultades que cualquier Taxonomía fenetista, pues, si es ilegítimo considerar así las similitudes fenéticas, no sería, entonces, más adecuado tratar a las similitudes genéticas del mismo modo. Aunque Mayr no llega realmente a asignar cifras a las similitudes genéticas, pretende hablar de un organismo genéticamente más similar a un segundo organismo que a un tercero. Además, si el largo de la cola o lo rojizo de la nariz son genéticamente causados, pretendería poder comparar estas causas genéticas de algún modo, lo que sería muy similar a la comparación misma de la cola larga y la nariz roja.

Obviamente algo un tanto sospechoso tiene el argumento de Ghiselin y no es difícil adivinarlo. Aunque la similitud no es una propiedad absoluta de los organismos, como lo es la masa de los objetos, el tratamiento que los taxónomos fenetistas dan a las similitudes fenéticas, no depende de tal suposición. Esto se demuestra claramente porque Sokal y Sneath excluyen de su lista de caracteres unitarios permitidos, los caracteres invariables. No tratan de medir una propiedad absoluta de los organismos, sino más bien de evaluar organismos respecto a otros organismos. Así, los caracteres invariables que no varían a través de toda la muestra por clasificar, no les interesan. Ahora bien, como los taxónomos fenetistas no están manejando propiedades como la masa, su tarea parece más esperanzadora. Para ellos, la similitud fenética es una relación entre organismos, que se puede ciertamente cuantificar (por lo menos, algunas similitudes). Considérese, por ejemplo, la distancia entre organismos: no es una propiedad de los organismos como la masa; el organismo *A* no dista cinco

millas; en cambio, se puede decir que un organismo está más próximo de un segundo que de un tercero. También se puede cuantificar esta distancia. Tiene sentido decir que dos organismos están separados por cinco pies. *A-priori,* no parece haber ninguna razón para no tratar la similitud fenética de la misma manera; ciertamente hablamos, de modo casual, de organismos de cierto grupo más parecidos a algunos organismos que a otros. Más aún, la manera obvia de tratar de cuantificar similitudes fenéticas es, al parecer, dividir los organismos en muchas partes pequeñas y comparar luego éstas. Indudablemente, el intento de hacerlo puede tropezar con dificultades (algunas de las cuales consideraré brevemente). Por otro lado, la única dificultad que Ghiselin enfoca, a saber, la de comparar dos caracteres diferentes (como una cola larga con una nariz roja), no parece por sí misma, justificar una condena inmediata del programa de los fenetistas. Las cosas nunca son exactamente iguales y aun así las comparamos. *A* está más lejos de *B* que de *C*, si *A* está a cinco millas de *B* y sólo a 4 millas de *C*. Esto es válido, aun cuando las millas de *A* a *B* sean de suelo pedregoso, y las millas de *A* a *C*, de césped.

Desde luego, nada de lo dicho impide que el intento de cuantificar similitudes fenéticas pueda parecer extraño, particularmente al principio. Sin embargo, esto es probablemente así en cualquier primer intento de cuantificación. No hay duda de que el termómetro parecería muy extraño en su día. Ghiselin no puede —a mi modo de ver— excluir la Taxonomía fenetista sin darle la oportunidad de empezar, que es lo importante. Al menos, no puede hacerlo sólo porque la noción de similitud cuantitativa no sea filosóficamente coherente. Como veremos, cuando se desarrolla la noción surgen grandes problemas aunque no por ello, deja de parecer la base de un programa científico viable.

Llego ahora a la crítica principal de la Taxonomía evolucionista, según la cual los taxónomos fenetistas pretenden curar a la Taxonomía de ciertas enfermedades que diagnostican en el trabajo de los taxónomos evolucionistas. La fuerza del argumento —en mi opinión— no puede ser negada. Como vimos, los taxónomos fenetistas acusan a los taxónomos evolucionistas de ser insuficientemente «operacionales», de presentar resultados que no pueden ser reproducidos por investigadores independientes y, sobre todo, de no atender adecuadamente a la norma «objetiva». Los taxónomos fenetistas pretenden barrer los fárragos subjetivos de los evolucio-

nistas y reemplazarlos por un sistema libre de toda mancha de prejuicios y deseos individuales. Por ejemplo, Sokal y Sneath escriben que la Taxonomía fenetista (que llaman numérica):

> no debería pretender que los biólogos la tomaran en serio, a menos que pudiera superar algunos fallos encontrados en los procedimientos taxonómicos convencionales. En nuestra opinión, mientras los métodos que discutiremos luego tienen ciertas ventajas subsidiarias..., los fines sobresalientes de la Taxonomía numérica son la *repetibilidad* y la *objetividad* (Sokal y Sneath, 1963, 49).

No hace falta demasiada perspicacia para ver que, desafortunadamente, la Taxonomía fenetista no alcanza estos fines establecidos. Para examinarlo con más detalle, recorramos brevemente los más importantes pasos de la Taxonomía fenetista, comenzando esta vez, con la elección de las UOT a clasificar.

Por lo general, los taxónomos se enfrentan con un material que incluye miles, si no millones, de organismos. En consecuencia, aparte la verdad de la teoría, los taxónomos fenetistas van a enfrentarse con la tarea de elegir ciertos ejemplos típicos que representen a los individuos, y en estos relativamente pequeños grupos de casos, llevarán a cabo sus estudios. Aun usando computadoras, no podrán hacer más, pues nadie podría (o debería) intentar la clasificación de millones de organismos en un estudio. Pero, ¿cómo van a hacer frente los taxónomos fenetistas a la necesidad de seleccionar especímenes representativos? La única manera razonable de hacerlo sería, al parecer, la vuelta a los medios ortodoxos. En particular, si se trabaja con organismos de más de una especie, se debe reconocer la legitimidad del concepto de especie biológica y seleccionar especímenes de organismos que representen todas y cada una de estas especies. Así por ejemplo, Michener escribe:

> Si no se han reconocido las especies, al comienzo de un estudio de Taxonomía numérica, podría quedar pendiente la enorme tarea de elaborar una Taxonomía numérica de masas de individuos no seleccionados (que incluyen miles de organismos de cada tipo común), para que se diese una probabilidad de incluir todos los tipos extraños y descubrir las especies. La compilación de datos (varios caracteres por especimen) para tal empresa, sería un desperdicio desesperado de tiempo... El tiempo que lleva la compilación de datos para estudios numéricos, por lo tanto, hace necesario reconocer los tipos de organismos y el desarrollo de clasificaciones preliminares (Michener, 1963, 159).

De manera similar, Sokal y Sneath reconocen la necesidad de contar con el concepto de especie biológica, pues escriben

que «excepto en los estudios especiales que tienden a la dosificación intraespecífica, la unidad más empleada en Zoología y Botánica será la especie» (Sokal y Sneath, 1963, 120).

Ahora bien, aunque Sokal y Sneath justifiquen más tarde el uso del concepto de especie (argumentando que es más fiable que otras categorías), en tanto en cuanto los taxónomos fenetistas deban contar con la especie, sus sistemas taxonómicos adolecerán de todas las deficiencias de que adolecen los sistemas taxonómicos evolucionistas debido a la especie. En particular, se reflejará en sus sistemas la «subjetividad» que traiga consigo el concepto de especie. Por ejemplo, los taxónomos fenetistas mismos deben decidir cuándo termina en el tiempo una especie y comienza otra. Esto podría no ser un problema serio, pero fuerza a los taxónomos fenetistas a tomar decisiones que, según afirman, su sistema haría innecesarias.

Enseguida la Taxonomía fenetista se ocupa de la elección y evaluación de los caracteres unitarios, que implican claramente una desviación grosera de las normas de repetibilidad y objetividad (según parecen concebirlas Sokal y Sneath). Recordemos que la principal pretensión de la Taxonomía fenetista es que, a través de ella, uno puede «aproximarse al objetivo de que los diferentes científicos trabajando independientemente, obtengan estimaciones precisas e idénticas de la «semejanza» entre dos formas de organismos, si basan sus juicios en los mismos caracteres» (Sokal y Sneath, 1963, 49). Todo tipo de prejuicio, deseo o interés personales deben ser eliminados. El taxónomo individual debe renunciar a hacer una libre elección propia, para que se le manifieste la verdad pura. Más aún, para llevar adelante este programa, debe atender exclusivamente a los caracteres físicos de los organismos. Toda teorización, como la llevada a cabo por el taxónomo Mayr, debe ser estrictamente desechada. Toda especulación sobre el pasado o los fundamentos genéticos debe ser posterior a la clasificación (no anterior ni simultánea).

A la luz de estos ideales, parece ininteligible la suposición de Sokal y Sneath, que primero los afirman para retractarse luego dando toda clase de recetas para omitir o ajustar los valores relativos de diferentes caracteres unitarios. Considérese, por ejemplo, la directiva de ignorar caracteres variables como el número de hojas de un árbol. Supóngase que algún taxónomo pretende que el número de hojas de un árbol sea un carácter unitario. La única

manera de impedírselo sería, al parecer, *apelar a consideraciones genéticas*. El número de hojas de un árbol es una propiedad fenética del árbol, tanto como la forma de las hojas. Pero si se hacen consideraciones genéticas (como incidentalmente lo hacen también Sokal y Snath) y si se trata de demostrar que el número exacto de las hojas del árbol no es una función de los genes, como lo es (digamos) la forma de las hojas, se va más allá de una clasificación fenética. Este puede ser un modo legítimo de clasificación —Mayr afirma que lo es—, pero ya no es una clasificación fenética. En cambio, si no se quiere recurrir a la Genética, no se tiene derecho de impedir a nadie considerar que el número exacto de las hojas de un árbol sea un carácter unitario.

Esta conclusión parece imponerse con más fuerza aún respecto al problema de las correlaciones empíricas. Si no se recurre a los genes (como lo hacen Sokal y Sneath), entonces no hay manera de decidir, en el caso de los albinos totales, si los ojos rosados y la piel blanca cuentan conjuntamente como carácter unitario, o si deberían contar por separado como caracteres unitarios (o si los ojos deberían contar por separado, o si cada pelo blanco es un carácter unitario, etc.). Los taxónomos fenetistas se encuentran nuevamente ante un dilema: ir más allá de las pruebas fenéticas y recurrir a los genes, en cuyo caso la diferencia entre taxónomos fenetistas y taxónomos evolucionistas como Mayr, desaparece, o negarse a avanzar más allá de las pruebas fenéticas, en cuyo caso las probabilidades de repetibilidad y objetividad se hunden enteramente. No hay modo preciso de decidir a primera vista, completa y definitivamente, si tratar la piel blanca y los ojos rosados como un carácter o dos. Consideraciones exactamente similares se aplican también a otras directivas de Sokal y Sneath acerca de los caracteres unitarios. Si no se determinan reglas (como no lo hacen Sokal y Sneath), se pierde toda esperanza de mantener la repetibilidad y la objetividad. Por otra parte, si se determinan tales reglas, es entonces difícil ver cómo podría la clasificación evitar ir más allá de lo puramente fenético: al aspecto genético de los organismos. En cualquier caso, el objetivo de la Taxonomía fenetista es inalcanzable.

El siguiente paso del método taxonómico fenetista es la estimación de las semejanzas entre las UOT sobre la base de la diferencia en sus caracteres. Como vimos, cuanto mayor sea la inventiva del taxónomo fenetista, tanto mayores caminos se le abren para

estimar estas semejanzas. En efecto, nadá parece forzar en absoluto a dos taxónomos a tomar el mismo camino. Los mismos Sokal y Sneath lo admiten, cuando conceden la posibilidad de alternativas viables. Sin embargo, si el taxónomo fenetista tiene alternativas, difícilmente tendría entonces su objeto de estudio la repetibilidad y la completa inmunidad frente a la decisión personal del clasificador características supuestamente esenciales de la Taxonomía fenetista[1].

Un argumento casi idéntico se aplica al último paso principal de la Taxonomía fenetista, que agrupa las UOT conjuntamente. Los taxónomos fenetistas tienen muchas opciones y la libertad de decidir si adoptan, digamos, un método de vinculación singular o más bien un método de vinculación completa. No parece esta libertad en principio diferente de la libertad de decisión de los evolucionistas para hacer grupos contemporáneos más que grupos descendientes de un antecesor común. Ambas decisiones implican el deseo del clasificador individual que no debe ser necesariamente compartido por otros. De ahí que, en este paso final, como en los anteriores, el fenetista se enfrente a la opción no menos que el taxónomo evolucionista.

Desde luego, los mismos taxónomos fenetistas no ignoran los problemas que enfrenta su Taxonomía. Aun Sokal y Sneath, a pesar de sus múltiples afirmaciones sobre repetibilidad y objetividad, califican finalmente su postura aclarando que «no afirman que las taxonomías numéricas sean realidades objetivas; el hecho de que pueda obtenerse por diferentes métodos estadísticos cierto número de taxonomías apenas diferentes, es una clara prueba de

[1] Debe señalarse aquí un punto importante. El lector puede pensar que estoy negando la posibilidad de encontrar una medida cuantitativa de la «semejanza» fenética. Si así fuera, sería extraño que hubiera podido criticar anteriormente a Ghiselin por negar la posibilidad de tal medida. Para poner las cosas en claro: yo no estoy negando la posibilidad de encontrar una medida cuantitativa de la «semejanza» fenética, ni tampoco negaría que ciertas medidas concuerdan más que otras con las intuiciones comunes. Sin duda, estoy totalmente convencido de que ciertas medidas concuerdan más que otras con las intuiciones comunes. Pero sí negaría la posibilidad de encontrar una medida *totalmente objetiva* de la semejanza fenética, que se pudiese imponer a los científicos como la tabla de los Diez Mandamientos que recibió Moisés de Dios mismo. Sin embargo, por las razones que di en el capítulo 7, no me parece que este fracaso a la hora de encontrar una medida objetiva, sea motivo de gran preocupación, porque no creo que ninguna ciencia sea tan «objetiva» como la Taxonomía, al decir de Sokal y Sneath.

que no lo son» (Sokal y Sneath, 1963, 268). Empero, el simple reconocimiento de los problemas, no los resuelve.

Está claro, por ahora, que las mismas dificultades y opciones se presentan tanto en la Taxonomía evolucionista, como en la Taxonomía fenetista. De ahí que ambas Taxonomías permitan la libertad del taxónomo individual. Sin embargo, al terminar con las críticas de la Taxonomía fenetista y pasar a la sección final, es importante señalar que las opciones encaradas por los taxónomos fenetistas tienen su contrapartida en las opciones que enfrentan los taxónomos evolucionistas. En consecuencia, así como los fenetistas no deberían condenar a los evolucionistas por problemas que surgen de la necesidad de tomar decisiones, tampoco los evolucionistas deberían condenar a los fenetistas por causa de los problemas que trae consigo la necesidad de tomar decisiones. La clasificación orgánica es una actividad que permite al individuo que la practica tomar libremente sus decisiones; y esta observación es verdadera siempre, cualquiera que sea la manera en que se intente clasificar. Más aún, aunque es obviamente un deber tratar de eliminar fuentes de distorsión debidas a los prejuicios del taxónomo, no debía uno sacrificarlo todo ante el altar supremo de la «objetividad». Ni en la Taxonomía ni fuera de ella, existe ni puede existir una ciencia totalmente objetiva.

8.3. ¿Existe un modo apropiado de clasificar?

Los taxónomos hablan de los trabajos de sus contrarios de una manera desconocida fuera de la Cámara de los Comunes. Los epítetos favoritos —«nominalistas» y «platónicos»— son lanzados por ambos bandos con vigor parlamentario. Sin embargo, aunque hay obviamente diferencias muy importantes en las dos Taxonomías, al tratar de compendiar en este capítulo y en el anterior, los hallazgos de la discusión sobre las Taxonomías evolucionista y fenetista, parece útil señalar primero las fuertes semejanzas entre las Taxonomías. En primer lugar, ambos bandos comparten los mismos objetivos globales de la Taxonomía; ambos pretenden que la Taxonomía sea una disciplina científica comparable a otras ciencias, según las normas de éstas. Mayr, como vimos, afirmaba que «para el científico taxónomo, ser una teoría científica, con todas las cualidades de una teoría

científica es el significado más importante de la clasificación» (Mayr, 1969, 79). De modo similar, los taxónomos fenetistas sobresalen en poner de relieve la necesidad de eliminar la distorsión subjetiva de los taxónomos individuales para hacer una Taxonomía «objetiva» como otras ciencias. Desde luego, esto no quita que los modos en que ambos bandos tratan de hacer su Taxonomía semejante a otras ciencias, sean bastante diferentes. Los taxónomos evolucionistas piensan que una ciencia debe tener un valor explicativo; los taxónomos fenetistas lo niegan, pero, en cambio, adoptan a su vez supuestos ideales «científicos», suscritos por los taxónomos evolucionistas. En particular, los taxónomos fenetistas buscan la repetibilidad, la total objetividad y la conformidad con los principios del operacionalismo.

Un segundo punto de semejanza entre ambas Taxonomías reside en que, al parecer, ambas son ambigüas respecto a sus fines más inmediatos. Como vimos, los taxónomos evolucionistas difieren en el objeto de su búsqueda. Algunos, los genetistas como Mayr, pretenden que las clasificaciones reflejen la naturaleza genética subyacente de los organismos. De ahí que, para ellos, estrictamente hablando, la filogenia sea irrelevante; aunque ello no sea enteramente coherente, Mayr exige que los taxones sean monofiléticos (esto es, pretende que los miembros sin taxón de rango *n* desciendan de los miembros de dos o más taxones contemporáneos de rango *n* o de rango superior). Otros, los genealogistas como Simpson, pretenden que las clasificaciones atiendan especial y directamente a la historia filogenética de los organismos. De ahí que, para ellos, las clasificaciones deban ser «coherentes» con las filogenias. Aunque los fines de los genetistas y de los genealogistas coincidan frecuentemente, pueden a veces diferir. Para acabar de confundir esta situación de suyo poco clara, debe reconocerse además que, aun adoptando una postura como la de Mayr, costará todavía trabajo clarificar los fines que uno tiene. A pesar de admitir que la noción de «similitud genética» no es tan insostenible como dirían algunos (entre ellos, Ehrlich), es necesario trazar antes las líneas maestras adicionales que posibilitan una base verdaderamente satisfactoria para una clasificación orgánica. Por otro lado, aunque los taxónomos fenetistas señalan con razón este tipo de problema de la Taxonomía evolucionista, necesitan ellos también poner en orden su propia casa. Probablemente, el fin principal de la Taxonomía fenetista —en su versión actual— sea producir una Taxonomía

que refleje sobre todo, la «semejanza» fenética. Por ejemplo, Sokal y Sneath escriben que «la finalidad de su Taxonomía es evaluar numéricamente la afinidad o similitud entre las unidades taxonómicas y ordenar estas unidades en taxones sobre la base de sus afinidades» (Sokal y Sneath, 1963, 48) y nos aseguran más adelante que con el término 'afinidad' «denotan solamente la relación fenética» (Sokal y Sneath, 1963, 123). De modo semejante, Michener afirma que uno de los objetivos de la clasificación «debería ser reflejar tan fielmente como sea posible las semejanzas entre clases de organismos» (Michener, 1963, 153). Sin embargo, los taxónomos fenetistas están lejos de ser totalmente coherentes en sus escritos sobre el principal propósito de sus Taxonomías. A veces —es cierto— se tiene la impresión de que no hay un propósito principal, único, y que puede usarse cualquier método de clasificación, mientras satisfaga las necesidades particulares del momento. Así, pues, «habiendo definido con precisión lo que toca a la clasificación biológica y las mejores estadísticas para conseguir un fin dado, podemos obtener taxonomías que satisfagan las necesidades para las que han sido construidas» (Sokal y Sneath, 1963, 268-9). Obviamente en este momento, los taxónomos fenetistas, no menos que los taxónomos evolucionistas, necesitan hacer un cuidadoso replanteamiento sobre lo que, a su modo de ver, son los fines inmediatos de su taxonomía. (Desde luego, es posible que los taxónomos fenetistas no pretendan realmente un propósito específico, único, que guíe su trabajo taxonómico. En sí misma, tal postura pragmática no me parece objetable; pero si ésta es su postura, deben declararlo explícitamente).

Un tercer punto de semejanza entre ambas taxonomías es la amplitud y responsabilidad que dan al clasificador individual. Los taxónomos evolucionistas admiten abiertamente este hecho: Simpson, por ejemplo, habla de una clasificación que es tanto un «arte» como una ciencia. Pero aun los taxónomos fenetistas, a pesar de sus afirmaciones ordinarias sobre la repetibilidad y la objetividad, dejan muchas decisiones en manos del clasificador. Como ya he dicho tanto sobre este punto, no añadiré más aquí.

Como dije, llamando la atención sobre las similitudes entre las dos taxonomías, no quiero minimizar sus diferencias. La decisión de basar la clasificación en la filogenia o en la Genética, más bien que en la Fenética (o viceversa) conduce a diferencias tanto en la práctica, como en los resultados de la clasificación. Siendo

esto así, plantearé ahora mi pregunta final sobre Taxonomía. Sobre la base del conjunto de la discusión de estos dos capítulos, ¿podemos decir qué Taxonomía deben adoptar los biólogos? Desafortunadamente no será fácil decir gran cosa, a menos que sometamos las dos Taxonomías a un test práctico bastante extensivo y examinemos si una o ambas prueba de hecho su utilidad como mecanismo para compendiar y predecir —que ambas afirman tener—. Empero, tomando estrictamente como base la pasada discusión, se comienza a adivinar la respuesta a la pregunta de cuál es la mejor Taxonomía: «todo depende». Hemos visto que ambas Taxonomías tienen problemas que deben ser resueltos o evitados, según aparecen. Por otro lado, hemos visto también que ninguna Taxonomía es realmente tan mala como sus oponentes sostienen. Siendo esto así, pienso que la mejor Taxonomía debe determinarse probablemente por el área de estudio en cuestión. Si se están estudiando organismos con la ayuda de un buen registro fósil, los mamíferos, por ejemplo, quizá sea entonces la Taxonomía evolucionista la opción más obvia. Las generalizaciones inductivas que se tendrán que hacer para inferir filogenias desconocidas o semejanzas genéticas se apoyarán en una cantidad relativamente grande de pruebas. Quizá no sea sorprendente que biólogos —entre ellos Simpson—, defensores acérrimos de la Taxonomía evolucionista, sean justamente aquellos taxónomos que dirigen su interés a grupos como el de los mamíferos. Tampoco sorprende que las diferencias entre los taxónomos evolucionistas se reflejen en sus diferentes intereses biológicos. Simpson, que subraya el papel de la filogenia en la clasificación, es un paleontólogo. Mayr, que subraya el de la Genética, es un neontólogo.

Alternativamente, si nuestro interés recae en organismos con poco o ningún registro fósil, o en organismos a los que es difícil aplicar los principios taxonómicos evolucionistas (por ejemplo, organismos asexuados), la Taxonomía fenetista nos ofrece, entonces, posiblemente uno de los mejores modos de clasificación. Como continuamente señalan los fenetistas, con tales grupos nuestra clasificación será probablemente, de todos modos, fenética de facto, sea cual sea el nombre que se le dé. No es, de nuevo, sorprendente encontrar que los partidarios de la Taxonomía fenetista sean precisamente aquellos que se interesan en grupos sin registros fósiles. Ehrlich, por ejemplo, está interesado en las mariposas; Sneath está interesado en las bacterias; el departamento de Entomo-

logía de la Universidad de Kansas es defensor acérrimo de la Taxonomía fenetista. Desde luego, la Taxonomía fenetista es comparativamente nueva; la estimación de su valor global se hará esperar hasta que haya pasado un período de prueba bastante largo[2].

En el futuro, quizá los fenetistas tengan que acercar su sistema cada vez más a la Taxonomía evolucionista, para hacer buenas predicciones (como, en mi opinión, lo hacen Sokal y Sneath, cuando discuten características empíricamente correlacionadas). Sea de ello lo que fuere, en el estado actual de cosas, ninguna Taxonomía parece perfecta; ambas parecen, sin embargo, herramientas legítimas para el clasificador de organismos.

[2] Es este contexto, el lector debe tener la diligencia de leer los resultados de un fascinante experimento de Sokal y Rohlf (1970) en el que intentan clasificar los organismos con la ayuda de personas no especializadas en Taxonomía, que ignoran los objetivos últimos de lo que están haciendo, es decir, «ignorantes inteligentes».

Capítulo 9

EL PROBLEMA DE LA TELEOLOGIA

Las cosas —los «efectos»— ocurren porque otras cosas —las «causas»— hacen que ocurran. Un gran número de explicaciones en las ciencias físicas son explicaciones «causales», porque, junto con las leyes, consisten en especificar una causa en el *explanans*, cuyo efecto enuncia el *explanandum*. Y esto significa que en tales explicaciones, el fenómeno-*explanans* no puede ser posterior (en el tiempo) al fenómeno-*explanandum*, porque en las ciencias físicas hay, al parecer, una curiosa asimetría respecto las causas. Si se dice que algo (*A*) es causa de otra cosa (*B*), *A* es entonces, temporalmente anterior o simultáneo de *B*. *A* no puede ser posterior a *B*. ¿Cuál es la razón de que esto sea así?

Una razón podría ser que la idea de una causa futura es lógicamente contradictoria, como lo es, por ejemplo, la idea de un círculo cuadrado. Empero, aunque algunos filósofos parecen rechazar las causas futuras por esta razón, para mí no es en absoluto obvio que la idea de una causa futura contenga en sí misma una franca contradicción. Supóngase que suelto un trozo de tiza a 10 pies del suelo. ¿Por qué es intrínsecamente contradictorio suponer que el movimiento de la tiza a 5 pies del suelo es causado por el choque contra el piso, o por el movimiento de la tiza justamente antes de que golpee contra éste? Tal causa futura no parece inimaginable a la manera de las contradicciones obvias. Recuérdese cómo en *Alice Through the Looking Glass (Alicia a través del espejo)*, la

Reina Blanca grita antes de pincharse el dedo. Los chicos y los filósofos encuentran entretenido este pasaje que indica que las causas futuras pueden tener cierto sentido, si bien inverso. Que yo sepa, ni siquiera los hegelianos consideran graciosa la idea de los círculos cuadrados.

Podría darse otra razón en contra de las causas futuras: que no pueden ser utilizadas en explicaciones del tipo ley-cubriente (en virtud de lo que para tales explicaciones impone el modelo de ley-cubriente), pero ello parece también falso. Supóngase, para tomar un ejemplo de Hempel (1965), que se pretende explicar por qué un rayo de luz, que parte de *A*, en un medio, y llega a *B*, en otro medio, atraviesa en su trayectoria el punto *C*. Se podría explicar recurriendo al principio de Fermat del tiempo mínimo (y a otro dato importante: el conocimiento de los índices de refracción de los dos medios) y deduciendo que la trayectoria más rápida de *A* a *B* pasa a través de *C*. En esta explicación, el suceso *explanandum* (es decir, el paso del rayo de luz por *C*) es explicado por referencia a un *explanans* que contiene una narración de sucesos anteriores (esto es, el rayo que parte de *A*) y posteriores (esto es, el rayo que llega a *B*) al suceso *explanandum*. No pensamos que la llegada del rayo a *B* sea causa del paso por *C*, pero, desde el punto de vista de una explicación basada en ley-cubriente, no hay razón para considerar que la llegada a *B* no pudiera ser causa, como podría serlo la salida de *A*, que, en efecto, consideramos como causa.

Los científicos físicos tienen animadversión por las causas futuras, a mi modo de ver, realmente por «el problema del objeto-fin ausente o no alcanzado». Supóngase que, por algunas razones, la tiza no golpea nunca el suelo, la Reina nunca se pincha el dedo y el rayo sale de *C* sin llegar nunca a *B*. Si admitimos la posibilidad de causas futuras, parece entonces que nos empeñamos en afirmar que cosas que no han existido ni existirán nunca causan la caída de la tiza, el grito de la Reina y el movimiento del rayo. Este tipo de postura parece absurda, si no completamente contradictoria. Pero, ¿qué alternativas se abren entonces? Se podría decir que debe existir alguna otra causa futura que realmente exista. Esto entraña la dificultad de que, entonces, parece perderse todo control y verificación de nuestras hipótesis científicas. Podría ocurrir casi todo y difícilmente podría impedirse al partidario de las causas futuras afirmar que un suceso pasado tiene tal o

cual causa (esto es, cualquiera). También se podría decir que no hay causas futuras implicadas, cuando el «objeto-fin» —la tiza que golpea el suelo, el dedo pinchado, el rayo en *B*— falta. Sólo el pasado y el presente son necesarios para dar una explicación causal completa. Esto presenta el problema de que la doctrina de las causas futuras parece ahora un poco redundante. Hay dos situaciones idénticas de la tiza, por ejemplo, en mitad de su recorrido: una la causa el pasado, la otra la causa el futuro. Hasta que la tiza golpee el suelo o no llegue a golpearlo, no se puede decir cuál es cuál. Pero, ¿por qué nos ocupamos en agobiar nuestra ciencia con tan incómoda ontología? ¿Por qué no considerar en ambas situaciones que las causas son pasadas y olvidarnos de imperceptibles causas futuras? Parece que nuestra ciencia apenas podría resultar por ello empobrecida.

Por tales razones, en mi opinión, los científicos físicos prefieren aferrarse a causas del pasado y del presente. La creencia en causas futuras no tiene lugar en la Física ni en la Química y, por ello, en las explicaciones causales (es decir, las que especifican la causa en el *explanans* y el efecto en el *explanandum*), se explica por referencias al pasado o al presente, pero no al futuro. Y, sin duda, sobre todo en las ciencias físicas, aunque se den casos como el uso del Principio de Fermat, mencionado arriba, cuando las explicaciones que se presentan, se refieren a causas y efectos, tienden a citarse sólo las causas en el *explanans,* y así, toda intelección que implique causas, implica comúnmente una referencia explicativa al pasado y al presente, pero nunca al futuro. (Como casi todos los demás enunciados generales de este libro, esta afirmación ha de calificarse de ligera.) Por lo menos, un físico (Csonka, 1969) ha jugado recientemente con la noción de «causación retroactiva». Pero Csonka no se enfrenta con los problemas filosóficos de las causas futuras, mencionados arriba.

Sin embargo, cuando nos volvemos a la Biología, encontramos menos aversión a un discurso que, en cierto sentido, implique una intelección a través de referencias al futuro (sea futuro causal o no). Los biólogos están refiriéndose continuamente a que algo ocurre por una cosa, o que ocurre «con el fin de» algo, o que ocurre «para que» algo pueda suceder, o desempeñando la «función» de algo. En todos estos casos, hay aparentemente algo que, al menos de alguna manera, se refiere a una cosa futura, que, a su vez, ilumina ese algo. Ahora bien, se presume que la cuestión

de la ausencia de objeto-fin no es menos problemática para el biólogo que para el científico físico. Tiene, por consiguiente, cierto interés filosófico demostrar que las referencias explicativas de los biólogos al futuro, no son realmente causas futuras ni objetables en ningún sentido. El problema de la teleología —trátar de analizar y comprender (esto es, explicar) mediante el futuro— es el objeto de este capítulo. (La bibliografía sobre la causación, específicamente la causación futura, es inmensa. Mackie (1966) hace algunas observaciones interesantes y trae una buena bibliografía).

Comenzaré considerando un tipo de fenómenos que, en la opinión de muchos, nos introduce en problemas referentes a la teleología, y demostraré que estos fenómenos no requieren de un análisis que postule causas futuras, aunque no se determine qué tipo de análisis necesitan. En segundo lugar, consideraré el significado de otro tipo de fenómeno teleológico (o posiblemente cuasi-teleológico), a saber, el desempeño de una función en un sistema. En tercer lugar, consideraré la naturaleza de las explicaciones biológicas teleológicas y las cuestiones que plantea su adecuación. Afirmaré finalmente, en este capítulo, que, aunque el pensamiento biológico no presupone una «sólida» teleología (esto es, una teleología que postule causas futuras), la Biología tiene, en un sentido más amplio, un elemento teleológico intraducible (aunque quizá eliminable). De manera muy real, los biólogos alcanzan una intelección explicativa refiriéndose al futuro.

9.1. Fenómenos dirigidos-a-un-fin

En el mundo orgánico, el tipo de fenómeno que probablemente ha atraído más la atención de los autores filosóficos que tratan de problemas derivados de la teleología biológica, es el llamado fenómeno «dirigido-a-un-fin», o fenómeno «organizado-directivamente». En esta amplia clase de fenómeno o sistema, hay aparentemente un suceso o estado —el «fin»— hacia el que se dirigen los organismos o grupos de organismos (o en el cual, el organismo ya se encuentra). Aunque surjan obstáculos (real o metafóricamente) en el camino del organismo, éste seguirá tendiendo, en cierto sentido, hacia ese fin (y si las circunstancias adversas han logrado expulsar al organismo del estado-fin, el organismo seguirá tratando de volver a ese fin).Los fenómenos de sudor y temblor constituyen un ejemplo típico de tal dirigibilidad-a-un-fin. La temperatu-

ra normal del cuerpo humano es de aproximadamente 98° F. Si el cuerpo se calienta o enfría, empieza entonces a sudar y temblar «para» volver a su temperatura normal. Si actúan causas futuras en algún caso, éste parecería serlo. El estado final —la temperatura normal— produce el sudor y temblor que, a su vez, se dan para que el cuerpo vuelva a su temperatura normal.

Es fácil demostrar que, precisamente como en el caso de las ciencias físicas, el problema del objeto-fin ausente descubre que el (sólido) análisis teleológico es inadecuado. Algunas veces, el calentamiento del cuerpo humano es tan elevado, que la eficacia del sudor resulta burlada y, de modo similar, hay grados de enfriamiento para los que el temblor poco ayuda. De ahí que, aun sosteniendo una (sólida) postura teleológica, difícilmente podría afirmarse que la temperatura normal es una causa del sudor, cuando, por ejemplo, las llamas de la hoguera comienzan a lamer la picota en la que debe ser quemado el mártir, puesto que (si la ejecución tiene éxito), el cuerpo vivo de éste nunca recuperará la temperatura normal. Así pues, parece necesario un análisis alternativo de la dirigibilidad-a-un-fin.

Desde un punto de vista muy general, no parece que tal análisis sea excesivamente difícil de encontrar; ello, sin embargo, no muestra por supuesto, que pudiera probarse en un caso particular que es muy difícil analizar detalladamente la dirigibilidad-a-un-fin, y que tal análisis es muy complejo. Siguiendo a Nagel (1961), sugiero que un sistema estaría dirigido-a-un-fin u organizado-directivamente, si se cumplen las siguientes condiciones: supóngase un sistema que manifiesta una propiedad o modo de comportamiento *G*, o que manifestará *G*, posteriormente, si se le deja intacto (más brevemente, supóngase un sistema «en un estado *G*»). Supóngase que el sistema puede ser dividido para el análisis en cierto número de partes o procesos independientes y distintos y que, si se alterase por sí misma una de estas partes, sin alteraciones compensadoras en las otras partes, el sistema dejaría de estar en el estado *G* (es decir, *G* podría perderse y no recuperarse nunca, si no se diese un movimiento compensador). Supóngase, empero, que en el sistema, siempre que suceda al menos alguna de estas alteraciones iniciales (llamémoslas «variaciones primarias»), otras partes ejercen una función compensadora (que podríamos llamar, por esta razón, «variaciones adaptativas») para reconducir nuevamente el sistema al estado *G*. Tal sistema, en mi opinión, se llama propiamente

«dirigido-a-un-fin». Debería señalarse que no ha sido necesario postular la existencia de causas futuras, ni suponer que el fin (es decir, la llegada o el retorno al estado *G*) deba ser alcanzado siempre. Es ciertamente muy posible, y así suele suceder invariablemente en el mundo orgánico, que algunas variaciones primarias se manifiesten tan arrolladoras, que el sistema no tenga variaciones adaptativas suficientemente fuertes para retornar al estado *G*. El fin podría perderse para siempre.

Para evitar objeciones, antes de continuar, deberían hacerse un par de observaciones sobre esta caracterización de un sistema dirigido-a-un-fin. En primer lugar, no puede negarse que muchos de tales sistemas puedan existir en el mundo inorgánico; sin embargo, mi interés presente se centra en el mundo orgánico. Si hay algunas diferencias reales entre los seres vivientes y no-vivientes, se sitúan, a mi modo de ver, precisamente aquí. (Más adelante mencionaré dónde exactamente). En segundo lugar, en mi opinión, nuestra idea de dirigibilidad-a-un-fin no está bien perfilada, como suele suceder. Supóngase que una variación primaria sacó al sistema de un estado *G* y que, aunque éste respondió con variaciones (por ejemplo, el sudor del mártir, cuando el fuego lo quema), éstas no fueron suficientemente fuertes para lograr que el sistema volviese al estado *G*. A mi modo de ver, podríamos posiblemente hablar de que un sistema está dirigido-a-un-fin (un fin particular), si las variaciones dadas en respuesta, fueran normalmente adaptativas (esto es, capaces de hacer volver el sistema al estado *G*), aunque, de hecho, no pudieran reinstalar el sistema en el estado *G*. Si las variaciones de respuesta no fueran normalmente adaptativas (por ejemplo, la combustión de la carne del mártir por el fuego), el sistema a este respecto no estaría, entonces, dirigido-a-un-fin, ni siquiera en un sentido amplio.

Ahora bien, admito abiertamente que la dificultad de la discusión presente es que toda ella es un poco demasiado abstracta. Como Taylor (1964), uno de los partidarios contemporáneos más sólidos de cierto tipo de teleología legítima, preguntamos: ¿cómo podemos estar seguros de que las situaciones reales pueden, de hecho, ser analizadas según este modelo? Al que no es teleólogo, le parece haber especificado precisamente los tipos de condiciones que le gustaría encontrar en el mundo y así, *a-priori,* afirma que tales condiciones son válidas. Y aun aquellos que, en ningún sentido, parecen querer adoptar una postura favorable a la teleolo-

gía, no parecen quedar muy satisfechos con un análisis tan abstracto como el que acabo de presentar. Por ejemplo, Gruner (1966) tiene la impresión de que toda consideración sobre la dirigibilidad-a-un-fin, según la pauta que acaba de darse, tiene un sabor «demasiado antropomórfico». En mi opinión, este autor pretendería precisamente evitar por completo la dirigibilidad-a-un-fin.

No veo, con franqueza, otra manera para convencer al decidido crítico del análisis que acabo de ofrecer, que considerar uno por uno, cada caso de dirigibilidad-a-un-fin que ocurra en Biología; pero dudo que fuéramos capaces de hacer esto en la práctica, aunque dispusiéramos del tiempo y la energía necesarios. Algunas situaciones son, sin duda, demasiado complejas. Sin embargo, se pueden presentar algunos ejemplos analizados, bastante completos, de dirigibilidad-a-un-fin, para demostrar que encajan en el modelo. Pienso que, incluso un pequeño éxito en esta empresa, hará que una objeción como la de Taylor parezca menos fuerte. Más aún, se puede ciertamente demostrar que los temores de Gruner son injustificados, pues tal análisis no tiene ningún olor de indebido antropomorfismo. El siguiente ejemplo es un caso de un fenómeno de dirigibilidad-a-un-fin que puede ser analizado según la pauta sugerida:

Muchas especies de aves tienen un tamaño de nidada notablemente estable. Por ejemplo, las nidadas de un petrel son normalmente de un huevo, las de una paloma de dos, las de una gaviota de tres, las de un avefría de cuatro, etc. Esto no ocurre obviamente por casualidad, pues el número de huevos característico de una especie es demasiado constante para ser casual y, en todo caso, está claro que casi todas las aves ponen huevos por debajo de su capacidad fisiológica. Si se le quitan huevos del nido, el ave pondrá el número suficiente para que el tamaño de la nidada sea el exacto. Más aún, aunque no sepamos exactamente qué hace que las nidadas tengan determinado tamaño, sí sabemos que es algo esencialmente genético. Como es bien sabido por los criadores de aves de corral, la proporción de puesta de huevos está directamente controlada por los genes. Altérense los genes de manera significativa y ello se verá reflejado en una alteración del número de huevos. Sin embargo, aun siendo mínimas las probabilidades de una mutación individual, se podrían esperar en general, algunas mutaciones suficientes para causar un cambio en la nidada de una especie concreta. En consecuencia, tendríamos al parecer, un

ejemplo de dirigibilidad-a-un-fin. Las avefrías, por ejemplo, tienen una nidada de 4 —el estado *G*— y se mantienen en él, a pesar de las rupturas (especialmente rupturas genéticas). Por lo tanto, esta situación requiere un análisis.

El análisis de los evolucionistas explica que el número determinado de huevos puestos por una especie como el avefría es resultado de la selección. Hay un número óptimo de pichones que las aves pueden criar —4, en el caso del avefría—. Si hay un pichón más, no conseguirán suficiente alimento ni podrán dispensar los debidos cuidados paternos; por lo tanto, las aves resultantes no serán tan aptas como las que proceden de una nidada de 4, y esta falta de aptitud no será compensada con el crecimiento numérico. Si hay un pichón de menos, no habrá tantas aves como las que provendrían de una nidada de 4 (pero, ave por ave, las primeras no serán apreciablemente más aptas que las de nidadas normales). Así pues, hay una fuerte presión selectiva para que la nidada sea de cierto tamaño. (Cf. Lack, 1954, para la descripción detallada; Wynne-Edwards (1962) no aceptaría este análisis, arguyendo a favor de cierto tipo de «selección del grupo». Pero cf. las efectivas réplicas de Lack (1966) y la devastadora crítica de la selección de grupos de Williams (1966).)

Debemos ahora examinar si el análisis presentado por los evolucionistas, encaja en el modelo de un comportamiento dirigido-a-un-fin, que ofrece Nagel. Es bastante obvio que sí. Hay sistemas: poblaciones de especies de aves. Estos sistemas pueden dividirse en diferentes partes independientes, a saber, el ave individual. En un determinado momento del año, estas aves manifiestan una propiedad específica, ponen huevos para un tamaño concreto de nidada. En otro tiempo del año, las aves no manifiestan tal propiedad, que, si no se altera, volverá a manifestarse nuevamente, después de un tiempo, en la primavera próxima. De ahí que los sistemas estén en un estado *G*. Supóngase ahora la alteración de una de estas partes del sistema (un ave), es decir, que un ave ha sufrido una mutación nueva tal que su nidada es diferente de la normal. Por ejemplo, un avefría podría poner 3 o 5 huevos, en lugar de los 4 huevos normales. Esta es una variación primaria. Si no cambia nada más, el sistema ya no estará entonces (ni volverá a estar nunca) en el estado *G* que tenía previamente. Por lo menos, la nidada de algunos miembros será siempre diferente de las nidadas de 4. (Estamos suponiendo una herencia normal, una

población amplia, cruzamientos fortuitos. De hecho, por supuesto, sería mejor suponer mutaciones que afectan numéricamente —por aumento o disminución— a la nidada de un ave, para incrementar las probabilidades de transmisión de los genes anormales). Sin embargo, en la realidad sucede que el resto del sistema compensa el cambio numérico de un pichón en la nidada de un ave y estos cambios compensadores son suficientes para hacer volver el sistema a su estado *G* original (el estado de nidadas de 4 huevos). En concreto, sucede que otras partes del sistema (otras aves) actúan como no habrían actuado, si la ruptura del estado original no hubiera ocurrido. En razón de la ruptura, las otras aves (con tendencia a nidada normal) se reproducirán, cuando normalmente no lo habrían hecho, porque el ave mutante o tendrá menor descendencia, o, si la tiene más numerosa, ésta será más débil. En la primera alternativa, otras aves serán capaces de reproducirse porque habrá menor descendencia de la mutante contra la cual competir; en la segunda alternativa, otras aves serán capaces de reproducirse porque serán más fuertes que sus competidoras (posiblemente podrán expulsar a las competidoras o éstas quedarán fuera de juego por otras razones (por ejemplo, el clima). En ambos casos, las aves genéticamente programadas para una nidada normal, tendrán una ventaja reproductiva sobre las mutantes y, por ello, serán seleccionadas (o seleccionada su descendencia). En consecuencia, la población volverá gradualmente a manifestar el estado *G* (esto es, nidadas normales), a través de variaciones adaptativas.

Claramente tenemos aquí un ejemplo paradigmático de un sistema dirigido-a-un-fin, como el definido por Nagel. Aunque, a primera vista, el estado *G* futuro controla, al parecer, las tempranas variaciones adaptativas; de hecho, no es necesario en absoluto recurrir a causas futuras. Tampoco es motivo de preocupación que, una vez perdido, el estado *G* no se recupere nunca (es decir, el objeto-fin esté ausente). Supóngase que *todas* las aves de una población mutan, por ejemplo, de tener una capacidad de nidada de 4 a tener una de 12. Respecto a la capacidad, ningún ave será entonces más apta que cualquiera de las otras; todas podrían muy bien multiplicarse en una estación. Así, la población podría morir sin haber recuperado la nidada de 4. El análisis teórico presentado puede asumir este tipo de situación. Finalmente, señalemos que el análisis no implica, en ningún sentido, un indebido antropomorfismo y que, por tanto, es injustificada la incomodidad

de Gruner al pensar en sistemas no humanos dirigidos-a-un-fin. (Con esto no se niega que se esté usando una palabra —«fin»— que se aplicó primero al mundo humano. Ello, en sí mismo, es difícilmente objetable; sí lo sería, por el contrario, si transfiriésemos directamente deseos, gustos e intenciones conscientes al mundo orgánico no-humano. No hemos visto la necesidad de hacer tal transferencia, aunque imagino que algunos animales superiores tienen una conciencia limitada, semejante a la humana.)

Aunque se podría escribir probablemente más sobre la naturaleza de los sistemas dirigidos-a-un-fin, quiero ahora pasar a otro aspecto de la problemática de la teleología biológica, a saber, qué quieren decir los biólogos al hablar de que algo desempeña una «función» o tiene una «función». Como veremos enseguida, el conocimiento recogido en esta sección sobre sistemas dirigidos-a-un-fin no habrá sido inútil.

9.2. Enunciados funcionales

Al decir que algo desempeña una función, o tiene una función particular, estoy afirmando algo (aparentemente) teleológico en cierto sentido. Por ejemplo, si afirmo que la función del latido del corazón es hacer circular la sangre, estoy diciendo entonces que el latido del corazón (anterior) en cierto sentido existe por causa de la circulación de la sangre (que es posterior), o que existe para que la sangre circule. Aceptando, porque simplemente a veces las funciones son incompletas, que la teleología de un enunciado funcional no pertenece a lo que he llamado teleología «sólida» (esto es, nuestra intelección no supone causas futuras), queda aún en pie el problema de cómo desarrollar un enunciado funcional y demostrar que tal enunciado no tiene nada de objetable o misterioso. Nagel (1961) ha hecho el intento más amplio conocido de tal desarrollo. Comenzaré con él mi ensayo. Intentaré demostrar que Nagel no está simplemente equivocado, sino que sigue una dirección errónea. Tan pronto como se descubre la falsedad de su concepción fundamental, la traducción correcta de un enunciado funcional puede, a mi modo de ver, hacerse sin demasiada dificultad. (Tal traducción eliminará el discurso sobre las funciones, pero, con ello, no eliminará toda referencia al futuro.)

Nagel hace su análisis sobre el siguiente ejemplo de enunciado funcional:

La función de la clorofila en las plantas es hacerlas capaces de llevar a cabo la fotosíntesis (esto es, formar almidón a partir de dióxido de carbono y agua, en presencia de luz del sol). (Nagel, 1961, 403.)

Nagel afirma que este enunciado equivale a dos enunciados:

(1) La clorofila es necesaria para que las plantas lleven a cabo la fotosíntesis.

(2) Las plantas están dirigidas-a-un-fin.

Deduzco de sus ejemplos que el fin que está considerando Nagel es la supervivencia y reproducción de las plantas.

Ahora bien, casi todas las críticas de Nagel se centran solamente en la primera versión del enunciado, cuyo argumento es la posibilidad de concebir que las plantas podrían realizar la fotosíntesis sin clorofila, es decir, que la clorofila no es necesaria para la fotosíntesis (por ejemplo, Sehman, 1965a). Sin embargo, no está clara la fuerza que tienen este tipo de críticas para destruir la postura de Nagel, pues él mismo suscita, de hecho, esta crítica y admite que parcialmente es válida. No obstante, argumenta que «aunque los organismos vivos (tanto plantas como animales), capaces de mantenerse sin procesos que implican la operación de la clorofila, son tanto abstracta como físicamente posibles, no parece haber ninguna prueba de que estos organismos puedan vivir sin clorofila, por las limitaciones que a las capacidades de las plantas verdes, impone su modo real de organización» (Nagel, 1961, 404). La réplica quizá más simple a las críticas de (1) sea admitir que la elección del término «necesaria» es un tanto desafortunada y deba reemplazarse por el siguiente enunciado, que es verdadero:

(1′) Las plantas realizan la fotosíntesis utilizando la clorofila. Después de todo, aun siendo válida la réplica de Nagel y la clorofila necesaria en cierto sentido, es muy dudoso desde una perspectiva más general, que quisiéramos necesariamente afirmar que x es necesario para y, si dijéramos que algo (x) desempeña una función y. Supóngase otra cosa (x'), que fuera una manera alternativa de llegar a y; continuaríamos afirmando que la función de x es hacer o llegar a y (y de modo similar, que la función de x' es hacer o llegar a y), sin admitir que ni x ni x' sean, por sí mismos, necesarios para y. En cambio, afirmamos claramente que X, en cierto modo, hace o llega a Y. Difícilmente podría afirmarse que x tiene una función que implica a y, si x no hubiera tenido nunca ninguna participación en la producción de y.

Claramente el enunciado funcional anterior (la función de la clorofila es producir la fotosíntesis) debe tener más implicaciones que (1′), pues, de otro modo, todos los tipos de enunciado verdaderos de la forma (1′) podrían ser traducidos a enunciados funcionales falsos. Así pues, considérese este enunciado:

(3) El pelo largo en los perros alberga pulgas.

Aunque (3) es verdadero, nadie pretendería afirmar:

(4) La función del pelo largo en los perros es albergar pulgas.

El segundo enunciado de Nagel previene supuestamente este tipo de réplica y en ello, en mi opinión, radica su error más serio. El error no es tanto que el recurso a la dirigibilidad-a-un-fin no llegue a excluir todo tipo de traducción incorrecta, aunque ciertamente no lo excluye, pues Nagel debería aceptar (4), porque no solamente (3) es verdadero, sino también el enunciado según el cual los perros están dirigidos-a-un-fin: la supervivencia; cuanto que este recurso a la dirigibilidad-a-un-fin es, en conjunto, inadecuado. Para explicar por qué lo es, consideremos el tipo de pruebas que nos conducirían a aceptar (4) como verdadero.

Supóngase un criador que tenía perreras de afganos (de pelo largo) y salukis (de pelo corto). Supóngase también que, en conjunto, los afganos vivieron más tiempo que los salukis, por cuanto, por la diferencia en longevidad, la descendencia por afgano fue significativamente más numerosa que la descendencia por saluki. Supóngase que se descubrió que los afganos tienen una mayor expectativa de vida, porque los salukis contraen un tipo de misterioso parásito transportado por cierta especie de insecto que los incapacita. Los afganos, por su parte, no son afectados por dicho parásito, porque tienen más pulgas que los salukis (por causa de su pelambre más larga) y las picaduras de las pulgas los inmunizan contra el parásito. Finalmente supóngase que algunos biólogos y veterinarios se enteraron de esto y, en posteriores investigaciones, descubrieron que efectivamente es cierto que, en regiones donde el parásito es común, se trate de perros domesticados o silvestres, el pelo largo (porque alberga pulgas) tiende a incrementar el tiempo de vida (y potencialmente la capacidad de reproducción). Si se hiciera pública esta pasmosa conclusión, nadie que aceptara estas pruebas contradeciría —en mi opinión— al que afirmase que «la función (o al menos, una de las funciones) del pelo largo de los perros es albergar pulgas».

¿Por qué las hipótesis anteriores sobre las relaciones entre el pelo largo, las pulgas y la inmunidad contra enfermedades deberían ser distintas de nuestra opinión de que se puede afirmar correctamente que la función del pelo largo es albergar pulgas? La respuesta es que, dada la verdad de las hipótesis, se ha demostrado el importante papel que las pulgas albergadas desempeñan en la supervivencia y reproducción de las especies particulares en discusión. Es decir, esperaríamos que un grupo de perros con pulgas tenga más probabilidades de supervivencia y reproducción que otro grupo idéntico en todos los aspectos, excepto en el de albergar pulgas. Desde luego, como la hipótesis es falsa, es fácil ver por qué de hecho no creemos en definitiva que la función del pelo largo sea albergar pulgas. Si algo creemos, es lo contrario, pues las picaduras de pulga pueden dañar la salud de un perro.

Volviendo a un nivel más general, podemos ver ahora que la afirmación: «La función de x en z es hacer y'» supone que y es algo que ayuda a la supervivencia y reproducción de z. Ahora bien, a este tipo de cosas llaman los biólogos, como hemos visto, una «adaptación»[1]. (En realidad, hasta ahora hemos considerado comúnmente las adaptaciones como características fenotípicas reales más que como procesos o resultados producidos por las características. El término «adaptación, empero, parece aplicable por extensión en este sentido, aunque ningún aspecto crucial del presente análisis se fundamente en tal extensión.) En consecuencia, un enunciado funcional en Biología pone de relieve que se está considerando una adaptación o algo que confiere una «ventaja adaptativa» a su poseedor. De ahí que el ejemplo de Nagel sobre un enunciado funcional pueda traducirse del siguiente modo:

(2′) La fotosíntesis es una adaptación; esto es, las plantas que realizan la fotosíntesis tienen más probabilidades de sobrevivir y reproducirse que las plantas, idénticas a ellas en todos los demás aspectos, pero que no realizan la fotosíntesis.

[1] Wright (1972), criticando una primera versión de mi análisis de enunciados funcionales (Ruse, 1971c), señala que se debe tener cuidado en admitir «de golpe» como funciones, elementos o procesos que ayudan a la supervivencia y a la reproducción. Si y ayudó sólo una vez a la reproducción (sin expectativa de que esto se repita), probablemente lo rechazaríamos como un «accidente» y no hablaríamos en términos de función. Sería apropiado el discurso funcional, únicamente si y es conservado y quizá mejorado por la selección y, por supuesto, de «adaptación» sólo podríamos hablar en tales circunstancias.

(Se podría, como acabo de señalar, interpretar alternativamente el ejemplo de Nagel indicando que la clorofila es una adaptación, aunque debería también señalarse que lo es porque conduce a la fotosíntesis. Si la fotosíntesis fuera simplemente un subproducto de la actividad adaptativa de la clorofila, difícilmente sería entonces, una «función» de la clorofila realizar la fotosíntesis, como demostrará más adelante en esta sección, un supuesto ejemplo contrario a mi análisis.)

Ahora bien, ¿dónde queda la afirmación de Nagel de que su enunciado funcional implica también (2) (esto es, que las plantas son dirigidas-a-un-fin)? Si ello implica, de hecho, (2), hay entonces abiertas cuatro importantes posibilidades:

(a) El enunciado implica (1′), (2) y (2′), y estos tres son enunciados lógicamente independientes.

(b) El enunciado implica (1′) y (2) y además (2) es equivalente a (2′).

(c) El enunciado implica (1′) y (2) y, aunque (2) y (2′) no son equivalentes, (2) implica (2′).

(d) El enunciado implica (1′) y (2′) y, aunque (2) y (2′) no son equivalentes, (2) implica (2′).

En este punto de la discusión, podemos ignorar posibilidades tales como que (1′) que sólo implica (2), o que (1′) y (2′) juntas (esto es, no cada una aisladamente) implican (2). En sí mismo, el enunciado de que las plantas utilicen la clorofila, al realizar la fotosíntesis, no nos dice absolutamente nada sobre la dirigibilidad-a-un-fin de las plantas. Sin embargo, encontraremos más adelante, una clase de enunciados funcionales donde el enunciado «z utiliza x para realizar y» tiene implicaciones que se refieren a la dirigibilidad-a-un-fin.

Un artículo reciente de Ayala apoya una postura semejante a una de estas cuatro posibilidades. Ayala (1968, 218) examina el enunciado funcional: «La función de las agallas en los peces es la respiración». Concuerda con Nagel en que tal enunciado afirma implícitamente que el sistema particular considerado —peces— está dirigido-a-un-fin; pero arguye también: «además implica que la función existe porque contribuye a la adecuada aptitud reproductora del organismo» (Ayala, 1968, 219). En otras palabras, en su opinión, el enunciado funcional señala que las agallas en los peces son adaptaciones, porque los peces que respiran, tienen mayores probabilidades de reproducirse que los peces que no

respiran. No aseguro cuál de las cuatro posibilidades defendería Ayala, aunque pienso que (c). Acepta, al parecer, la afirmación de Nagel de que los enunciados funcionales implican la dirigibilidad-a-un-fin y argumenta más adelante que «los mecanismos y estructuras teleológicas en los organismos son adaptaciones biológicas» (Ayala, 1968, 216).

El ejemplo de los perros parece excluir sin más dos de las cuatro posibilidades: (a) y (c). Era posible establecer tipos de condiciones que nos condujeran a aceptar como verdadero, el enunciado «la función del pelo largo en los perros es albergar pulgas», sin mencionar en absoluto la dirigibilidad-a-un-fin, en los perros. Demostramos que la peculiaridad del enunciado funcional es referirse a una adaptación. Por lo tanto, un enunciado funcional podría, al parecer, referirse solamente a la dirigibilidad-a-un-fin de un sistema, si antes se ha referido a una adaptación y, luego, por orden, implícita o explícitamente a la dirigibilidad-a-un-fin. (Rechazando (c), no afirmo nada sobre la adaptabilidad en la naturaleza de los sistemas que están dirigidos-a-un-fin. Sí niego que el enunciado de Nagel implique (2′), por el hecho de implicar (2). No lo implica ciertamente, porque necesitaríamos inferir no simplemente que los sistemas que están dirigidos-a-un-fin, son adaptativos, sino que la adaptación concreta en este caso, es la fotosíntesis). Pero, según hemos discutido en la última sección, parece muy dudoso que, si afirmamos que algo es una adaptación, estemos, por ello, diciendo algo sobre la dirigibilidad-a-un-fin del sistema en el que ocurre. La dirigibilidad-a-un-fin, como hemos visto, requiere una respuesta adaptativa, después de una primera variación. Sin embargo, si afirmo que algo capacita a su poseedor para sobrevivir y reproducirse (es decir, que es una adaptación), no estoy necesariamente diciendo nada en absoluto de lo que podría ocurrir, si cambiasen las circunstancias, en cierto sentido, y dieran lugar a una variación primaria. Podría pensar, ciertamente, que de haber ocurrido algún cambio significativo, ninguna respuesta sería posible y las probabilidades de supervivencia y reproducción serían prácticamente nulas, sólo en virtud del carácter formalmente adaptativo. Por ejemplo, un organismo que vive en el Artico, podría tener una piel blanca (como resultado de una adaptación), que sería demasiado notoria para mal del organismo si su medio ambiente de nieve y hielo se trocara en verdes campos y bosques. En otras palabras, al hablar de ventajas adaptativas y adaptaciones,

no se dice necesariamente nada sobre la dirigibilidad-a-un-fin.

Por lo tanto ni (b) ni (d) son verdaderos. Por lo tanto, el enunciado funcional de Nagel no implica (2): las plantas están dirigidas-a-un-fin.

Sobre la base de esta discusión, podemos ahora establecer la formulación equivalente no funcional del enunciado funcional generalizado:

La función de x en z es hacer y.

Esto es:

(i) z hace y utilizando x.

(ii) y es una adaptación.

Además, podemos establecer que (ii) no implica

(iii) z está dirigido-a-un-fin.

Debemos ahora contestar a tres objeciones posibles. La primera objeción es la siguiente: aunque es lógicamente posible que un organismo (o grupo) no esté de ningún modo dirigido-a-un-fin —la supervivencia y reproducción—, es altamente improbable, de hecho, encontrar tal organismo o grupo. Si existiera, entonces moriría probablemente al menor cambio del entorno (o al menos se volvería estéril). Por lo tanto, todo organismo y grupo de organismos estaría, al parecer, en cierto sentido, dirigido-a-un-fin. Sin embargo, como los enunciados funcionales se refieren a seres con adaptaciones y las cosas que tienen adaptaciones son organismos, los enunciados funcionales, al parecer, se referirían siempre a cosas que están dirigidas-a-un-fin. Consecuentemente, siempre que hacemos un enunciado funcional, estamos diciendo implícitamente que la cosa a la que nos referimos está dirigida-a-un-fin. Esta afirmación es implícita, no explícita, pero, en todo caso, se da.

Esta objeción se basa en una confusión entre significado y referencia. Puede indudablemente ser cierto que todo organismo esté dirigido-a-un-fin, pero este hecho no significa que todo enunciado usado para referirse al organismo, tenga un significado oculto que implique que el organismo esté dirigido-a-un-fin, y, en particular, no significa que todo enunciado funcional implique que el organismo está dirigido-a-un-fin. Haciendo una analogía, todo hombre vivo tiene un corazón y un cerebro (excepto las personas que se encuentran en mitad de una operación de trasplante); si afirmo que el hombre tiene un cerebro, ello no implica de ningún

modo que también tenga un corazón. Es verdad que lo tiene, pero, sin embargo, no he dicho nada acerca del corazón. De forma similar, un organismo adaptado será probablemente un organismo que está dirigido-a-un-fin, pero afirmar lo primero no implica afirmar lo segundo.

La segunda objeción a mi análisis de enunciados funcionales gira alrededor del modo de definir la adaptación. Un crítico podría conceder que parte del desarrollo de un enunciado funcional es:

(ii) *y* es una adaptación;

y, no obstante, no estar de acuerdo con mi afirmación de que decir esto equivale a afirmar:

(ii″) *y* es un tipo de cosa que ayuda a la supervivencia y (particularmente) a la reproducción,

o, en otras palabras, que (aparte de toda otra consideración) un organismo con *y* tiene mayores probabilidades de supervivencia y reproducción que uno sin *y*.

Varias personas han presentado este falso enunciado:

(5) La función del corazón es producir sonidos cardíacos,

como un supuesto ejemplo contrario a mi análisis (por ejemplo, Lehman, 1965b). Ellos piensan que, si mi afirmación fuera simplemente que un enunciado funcional se desarrolla parcialmente como (ii), admitirían con gusto que queda demostrada la falsedad de (5), puesto que

(6) Los sonidos cardíacos son una adaptación

es tan obviamente falso. Pero, como mi afirmación incluye que (ii) es idéntico a (ii″), el desarrollo completo de (5) da entonces:

(7) El corazón produce sonidos

(8) Un organismo (con corazón) que produce sonidos cardíacos, tiene mayores probabilidades de supervivencia y reproducción, que uno que no produce sonidos.

Sin embargo, concluyen los críticos, (7) y (8) son verdaderos. Por lo tanto, mi análisis nos llevaría, al parecer, a un enunciado (5) supuestamente equivalente y obviamente falso.

Replico a esta crítica no aceptando que (8) sea verdad. En este estado de cosas, los sonidos del corazón parecen sólo un subproducto de un corazón que late y, por lo tanto, no alcanzo a ver que un organismo sin sonidos cardíacos (pero con todo lo demás) tenga menores probabilidades de sobrevivir y reproducirse, que un organismo con sonidos cardíacos. Desde luego, con esto no se niega que pudiera sobrevenir una situación en que

los sonidos del corazón tuvieran valor adaptativo (y, por lo tanto, (5) fuera verdad). Supóngase que los sonidos del corazón en los mamíferos estimularan a los lactantes a mamar. Tendría, entonces, sentido aseverar (5) (aunque, obviamente, se podría seguir pensando que el corazón tiene otras funciones).

Supongo que los críticos podrían objetar ahora que la idea de un organismo con un corazón que late, pero no produce sonidos, corresponde a algo que precisamente no podría existir (por razones físicas). Sin embargo, los críticos son, a mi modo de ver, injustos en este punto con la Biología. A la Física, por ejemplo, se le permite hablar de objetos sin fricción (o cuerpos perfectamente elásticos), aunque todo el mundo sabe que no pueden existir (por razones físicas). Y ello es posible porque podemos imaginar lo que es acercarse a una completa falta de fricción (o a una perfecta elasticidad). Sabemos que no alcanzaremos nunca los límites, pero podemos imaginar cómo sería algo en tales límites, si pudiese existir. De modo similar, los biólogos pueden imaginar una reducción desde el golpeteo real de los sonidos cardíacos a sonidos cardíacos casi imperceptibles, lo cual carece de importancia para la supervivencia y reproducción. De ahí que parezca legítimo llevar al límite la idea de un corazón con un bajo nivel de sonidos, para afirmar que la ausencia absoluta de sonidos cardíacos no importa para la capacidad reproductiva de un organismo, aunque sepamos que un organismo sin sonidos cardíacos es empíricamente imposible.

La tercera y última objeción es, quizá, más profunda que las otras. Es obviamente bastante artificial hablar, como lo hemos hecho, de un entorno E y suponer que es algo estable e inmutable y que puede distinguirse claramente de todos los demás entornos E', etc. De hecho, todo entorno que se considera más de un instante, cambia algo y los organismos existentes en él deberán responder a los cambios. Consecuentemente, como las adaptaciones son las cosas que ayudan a los organismos a sobrevivir y reproducirse, es, sin duda, propio considerar como adaptaciones los mecanismos reales que ayudan a los organismos a responder. Así, por ejemplo, los mecanismos que conservan el cuerpo humano a una temperatura constante, son adaptaciones, pues un hombre cuyo cuerpo está a una temperatura constante tiene mayor probabilidad de supervivencia y reproducción que uno cuya temperatura corpórea fluctúa excesivamente. Pero en tal situación, ¿acaso un enunciado funcional como

(9) La función del sudor y del temblar es mantener el cuerpo a temperatura constante,

no implica, de hecho, que el sistema en cuestión está dirigido-a-un-fin, por cuanto para captar realmente las nociones del sudar y temblar, debemos entender que éstas contribuyen a la dirigibilidad-a-un-fin del sistema del cual son parte? En otras palabras, ¿las versiones hechas según la pauta propuesta por Nagel no son a veces correctas?

Debe concederse que son correctas, en tanto en cuanto el argumento anterior pruebe que algunos enunciados funcionales implican, en cierto sentido, la dirigibilidad-a-un-fin del sistema que se considera. Sin embargo, ello no prueba ni que todos los enunciados funcionales impliquen la dirigibilidad-a-un-fin, ni que la afirmación mencionada de que las versiones hechas según la pauta sugerida por Nagel, sea correcta. Para entender el por qué, considérese cómo debería traducirse (9). Tenemos:

(10) El sudor y el temblor ayudan a mantener los cuerpos a temperatura constante.

(11) El mantenimiento del cuerpo a una temperatura constante es una adaptación.

Los enunciados (10) y (11) expresan completamente el significado del enunciado funcional(9). Además, podemos inferir de (10) y (11) que se está considerando un sistema que está dirigido-a-un-fin. Obsérvese, sin embargo, que inferimos este hecho de (10) y no de (11). Es decir, el hecho de que estar a una temperatura constante sea una adaptación, no nos permite inferir que los cuerpos se mantengan mediante sistemas dirigidos-a-un-fin. Consecuentemente, considerando el enunciado funcional generalizado

La función de x en z es hacer y.

sólo podemos inferir la dirigibilidad-a-un-fin, cuando la primera parte de la versión (6) implica la dirigibilidad-a-un-fin. Obviamente en muchos casos, si no en casi todos, la primera parte de la versión no implica dirigibilidad-a-un-fin (por ejemplo, ni (1′) ni (3) la implican). De ahí que, casi todos los enunciados funcionales no impliquen dirigibilidad-a-un-fin. Más aún, incluso los casos en que se implica la dirigibilidad-a-un-fin, la versión propuesta por Nagel sigue siendo incorrecta. El afirmaría que (9) se traduce por:

(10′) El sudor y temblor son necesarios para que los cuerpos se mantengan a temperatura constante;

(11′) Los cuerpos están dirigidos-a-un-fin (a sobrevivir y reproducirse). Para Nagel, como hemos visto, la dirigibilidad-a-un-fin iría en la segunda parte de la versión, cuando en realidad debiera ir (en todo caso) en la primera. Es fácil ver que (10′) y (11′) no pueden ser la versión correcta posible de (9), porque si fuera cierto que el hecho de que los cuerpos humanos se conservan a temperatura constante no es distinto de la aptitud reproductiva de los hombres, entonces (9) no sería todavía verdadero, aun cuando (10′) y (11′) fueran ciertos.

Debería estar claro que el enfoque de Nagel es incorrecto. Hay, sin duda, en la naturaleza, sistemas que están dirigidos-a-un-fin. Pero al decir que algo tiene una función (el solo hecho de tener una función), no se dice absolutamente nada de la dirigibilidad-a-un-fin (a menos que se esté hablando específicamente de la función de un sistema que realmente esté dirigido-a-un-fin). El discurso sobre las funciones implica más bien el discurso sobre las capacidades para sobrevivir y reproducirse[2].

9.3. *Explicaciones teleológicas*

Relacionados con los dos tipos de cuestiones que hemos discutido en este capítulo —sistemas que están dirigidos-a-un-fin y cosas que desempeñan funciones—, se encuentran dos tipos diferentes de explicación, aunque sugiero que sólo uno de estos tipos sería, en algún sentido interesante, una «explicación teleológica». Examinaré brevemente estos dos tipos.

En una típica explicación basada en la *dirigibilidad-a-un-fin,* consideramos un sistema que ha conseguido su fin o que está realizando variaciones adaptativas de un tipo que normalmente conducirían

[2] Estoy, por supuesto, restringiendo mi análisis al contexto moderno. Los predarwinistas hablaban de «funciones» y «adaptaciones» sin la base de una teoría de la evolución mediante la selección natural. Por lo tanto, no estoy afirmando que mi análisis sea aplicable a todos los casos posibles del discurso funcional; pero creo que se puede aplicar a tal discurso en la Biología moderna. Uno que no aceptaría la relación que establezco entre adaptación y función, es Munson (1971) que da tres razones por las que piensa que tal nexo estrecho es indefendible. Critico a Munson en Ruse (1972) y él replica en Munson (1972).

al fin. El problema está en explicar cómo surgen el fin o las variaciones adaptativas, dada una ruptura inicial (esto es, una variación inicial). Desde un punto de vista filosófico, este tipo de explicación no parece muy problemática y, en particular, no parece necesario suponer que tal explicación sea distinta de una sencilla explicación basada en ley-cubriente. (Debe reiterarse que esta sencillez es teórica, no práctica. Una explicación real basada en la dirigibilidad-a-un-fin podría ser muy compleja.)

Un buen ejemplo de este tipo de explicación que recuerdo aquí, es la que explica el estado *G* del avefría, es decir, que tenga una nidada de 4. El *explanandum* es el hecho de que la nidada sea de 4 (o, si se supone que el estado *G* no ha sido aún alcanzado, será la nidada común al tiempo en que se pide la explicación). El *explanans* contiene algunos enunciados sobre condiciones iniciales. Por ejemplo, se informará que la nidada de algunas aves ha sido superior a 4 (o inferior) y se darán los datos pertinentes para ver que el cambio en la nidada es una función de un cambio genético (posiblemente el par normal «alelo» *A* ha sido cambiado por un mutante *a*). El *explanans* contendrá también la información de que los portadores de los genes anormales (esto es, *a* más bien que *A*) están en desventaja selectiva respecto a los portadores de genes normales. Obviamente, si los biólogos pretenden saber exactamente cuántas generaciones son necesarias para volver al estado *G*, deberán intentar la cuantificación de esta desventaja selectiva. Finalmente, encontraremos leyes en el *explanans* (por ejemplo, la ley de Hardy-Weinberg). Los biólogos pueden entonces, del modo analizado en los primeros capítulos, inferir de todos los elementos contenidos en el *explanans*, cómo desciende la proporción genética de los genes anormales (causantes de nidadas anormales). Su conclusión —el *explanandum*— será o que los genes anormales van desapareciendo (es decir, se vuelve al estado *G*) o que, suponiendo que no han transcurrido suficientes generaciones para su total eliminación, los genes anormales han disminuido mucho en número. (Más exactamente, su conclusión final versará sobre los efectos fenotípicos de los genes anormales que van desapareciendo.)

Este, como he dicho, es un ejemplo inobjetable de explicación basada en ley-cubriente y, por lo tanto, sólo haré un comentario final sobre este tipo de explicación o sobre la dirigibilidad-a-un-fin, en general: En cierto sentido, la dirigibilidad-a-un-fin, interesa,

a mi modo de ver, a los filósofos, porque les permite eludir el problema que representa todo el tema de la teleología biológica. Los sistemas biológicos que estén dirigidos-a-un-fin son, en mi opinión, a menudo, tipos de adaptaciones biológicas muy complejos y muy interesantes, que parecen relacionarse con los fines bastante más intensamente que las adaptaciones que no están dirigidas-a-un-fin. Sin embargo, imagino que esto es cuestión de grados y que, en sí mismos, los sistemas biológicos dirigidos-a-un-fin no tienen ni siquiera en apariencia, ningún tipo de teleología biológica distinto del que tiene cualquier sistema funcional. (En razón de su complejidad, dudo que, en la naturaleza, pueda darse alguna vez un sistema biológico dirigido-a-un-fin que no sea adaptativo o una adaptación.) Por esta misma razón, aparte, por el momento, del aspecto funcional de los sistemas dirigidos-a-un-fin, se puede, como he argumentado en la primera sección de este capítulo, eliminar sin problema cualquier referencia aparente a causas futuras y, por ello, las explicaciones basadas en la dirigibilidad-a-un-fin no causan especiales dificultades. También por esta razón, ha resultado imposible distinguir entre un fenómeno biológico como el sudor y un fenómeno no-biológico como el movimiento del péndulo, pues, cuestiones de función aparte, no hay diferencia esencial (Cf. Wimsatt, 1970). Así pues, concluiría que el fenómeno de la dirigibilidad-a-un-fin ha impedido en cierta manera, que el filósofo busque un correcto análisis de teleología biológica (como le ha sucedido a Nagel), aunque este fenómeno ocurra generalmente, si no siempre, en una situación funcional. Si hay algún tipo interesante de biología teleológica por encontrar en los sistemas biológicos dirigidos-a-un-fin, se debe a que hay sistemas biológicamente adaptativos, inevitable o casi inevitablemente[3].

Toca el turno de discutir el segundo tipo de explicación: la *explicación funcional*. Con ella se trata de explicar la existencia de alguna parte de un sistema por referencia a su función (o funciones). Esta parte de un sistema podría ser ya una parte de un

[3] Las dificultades de Nagel se derivan de que su análisis se acerca mucho a Sommerhoff (1950). Este trabajo nos da un supuesto análisis de la «adaptación» en términos de dirigibilidad-a-un-fin; pero lo que de hecho presenta es un análisis de la «adaptabilidad» —término que los biólogos emplean para indicar que los organismos responden al cambio. Nótese, como en la cita de la página 121, Manser utiliza «adaptable», cuando lo que quiere, o al menos debería querer, decir es «adaptado».

organismo (si el organismo fuera el sistema), ya un organismo completo o un subgrupo del grupo total, si el sistema fuera un grupo de organismos. Ejemplos típicos de explicaciones funcionales son la explicación del ojo por la función de ver que desempeña, la explicación de los senos de la mujer por referencia a la función de alimentar al niño que desempeña, y la explicación de las nidadas de avefría por referencia a la función de criar a los pichones que desempeña. Obviamente, se podrían citar, en una explicación, cierto número de funciones que desempeña un elemento (por ejemplo, los ojos no sólo desempeñan la función de ver, sino también, en algunos casos, de atraer a miembros del sexo opuesto).

Ahora bien, hay un par de cuestiones de interés filosófico que surgen de las explicaciones funcionales. Veamos primero la acusación hecha por Hempel de que las explicaciones funcionales son generalmente inadecuadas. Hempel trata de desarrollar en detalle la forma de una explicación funcional para poner de relieve cuán estrechamente se conforma tal explicación con el modelo de ley-cubriente. Hablando en general de un rasgo *i* en un sistema *s* (en cierto tiempo *t*), ofrece la siguiente formulación general de una explicación funcional de *i*:

(a) En *t*, *s* funciona adecuadamente en una situación de tipo *c* (caracterizada por condiciones específicas internas y externas).

(b) *s* funciona adecuadamente en una situación de tipo *c*, solamente si una cierta condición necesaria *n* se cumple.

(c) Si el rasgo *i* estuviera presente —como efecto— en *s*, la condición *n* se cumpliría entonces.

(d) (Por lo tanto) en *t*, el rasgo *i* está presente en *s* (Hempel, 1969).

Hempel señala que, formalmente, este argumento no es válido —en particular, porque contiene la falacia de afirmar el consecuente. La conclusión se seguiría solamente si el rasgo *i* fuera necesario para la condición *n*. Como no es así, Hempel afirma que en ningún sentido podemos afirmar que una explicación funcional nos dé una adecuada explicación basada en ley-cubriente (de ahí que Hempel afirme que no hay en absoluto, una explicación adecuada).

Mi opinión personal es que Hempel es demasiado severo respecto a las explicaciones funcionales, cuando arguye de esta manera. Indudablemente, algunas explicaciones funcionales pueden ser ina-

decuadas por las razones de Hempel, pero no me parece entonces probable suponer que éstas sean satisfactorias para los biólogos. Bajo circunstancias normales, sugiero que, cuando un biólogo ofrece una *explicación* funcional de un elemento, estaría de hecho suponiendo que el elemento es, en cierto sentido, necesario para la condición que está causando (aunque, como vimos en la última sección, generalmente al afirmar sencillamente que algo desempeña una función, no se está diciendo nada sobre su necesidad). Por lo tanto, concluyo que, desde el punto de vista del modelo de ley-cubriente, las explicaciones funcionales no crearían ninguna dificultad. (La ley requerida en el *explanans* es, desde luego, (b), pero, en mi opinión, (c) o su sustituto podría también tener el carácter de ley, aunque quizá sólo en un sentido impreciso.)

Tómese en apoyo de la observación que estoy haciendo, por ejemplo, una explicación funcional sobre las ubres de las vacas. La explicación normalmente ofrecida nos diría que las ubres de las vacas desempeñan la función de proveer de leche a los terneros. Ahora bien, desarrollemos esta explicación al estilo de Hempel, enriqueciendo los detalles a la luz del análisis de la última sección (pero omitiendo lo que no viene al caso, como el tiempo t):

(A) Las vacas están bien adaptadas (es decir, tienen una buena probabilidad de sobrevivir y reproducirse).
(B) Las vacas están bien adaptadas solamente si tienen los medios de alimentar a sus terneros.
(C) Si las vacas tienen ubres, pueden alimentar a sus terneros.

(D) (Por lo tanto) las vacas tienen ubres.

Obviamente, tal como está, este argumento no es válido. Pero, en mi opinión, los biólogos sostendrían también que

(C') Las vacas pueden alimentar a sus terneros, sólo si tienen ubres y entonces, desde luego, (D) se sigue sin problemas. Naturalmente, con esto no se niega la posibilidad lógica de encontrar otros modos de alimentar a los terneros. Lo importante es que, en el estado actual de cosas (excluida, por supuesto, la interferencia del hombre), a menos que las vacas adultas tengan ubres, los terneros morirán de hambre. Así pues, en un sentido muy real, las ubres son necesarias para la continuación del *Bos taurus*. Siendo esto así, no veo el error de ofrecer como explicación de (D), una explicación funcional basada en (A), (B) y (C').

Más aún, si las vacas tuvieran una manera alternativa de alimentar a sus terneros —por ejemplo, regurgitando parcialmente la comida digerida, como hacen algunos pájaros al cortejar a la hembra—, pienso que los biólogos tomarían entonces este hecho en cuenta, al pedir una explicación de las ubres de las vacas. Por ejemplo, si las vacas tuvieran, de hecho, tales modos precisos e independientes de alimentar a sus terneros, habría alguna presunta razón para ello. Posiblemente, como las vacas viven en circunstancias fluctuantes de provisión de alimento, regurgitan cuando están hartas y amamantan cuando tienen hambre. En este caso, pienso que los biólogos podrían cambiar (*B*) por

(*B'*) Las vacas están bien adaptadas solamente si pueden alimentar a sus terneros en toda circunstancia.

Su premisa final sería ahora:

(*C''*) Las vacas pueden alimentar a sus terneros en toda circunstancia, sólo si tienen ubres.

Dado un entorno fluctuante, (*C''*) podría ser verdadero y (*D*) continuaría deduciéndose sin problema. Alternativamente, si los biólogos no pudieran encontrar absolutamente ninguna razón para la existencia de modos diferentes de alimentación de los terneros, en mi opinión, abandonarían precisamente su explicación original (más que seguir sosteniendo su inútil caparazón como afirma implícitamente Hempel). Los biólogos sólo afirmarían ahora poder explicar por qué la vaca tiene en general métodos diversos de alimentación y no por qué tiene estos métodos particulares. En otras palabras, sugiero que, aunque los científicos sociales son posiblemente más laxos en esta materia, la crítica de Hempel sobre los biólogos no sería enteramente limpia.

Como segunda observación sobre las explicaciones funcionales, quiero referirme al orden en que los biólogos presentan causa y efecto. Normalmente, aunque no siempre como vimos al comienzo de este capítulo, cuando se trata de causas y efectos, las ciencias físicas explican poniendo las causas en el *explanans* y los efectos en el *explanandum* y, aun en la explicación que emplea el principio de Fermat, la causa del suceso-*explanandum* está en el *explanans*, aunque indudablemente, el *explanandum* presenta la causa de uno de los sucesos del *explanans*. (Frecuentemente en las ciencias físicas,

hay argumentos cuya conclusión presenta causas y cuyas premisas presentan efectos. Son argumentos llamados a menudo «retrodicciones», con los cuales se trata de «predecir a la inversa», deduciendo fenómenos pasados a partir de fenómenos y leyes presentes. (Sin embargo, en estos casos, no se consigue asociar la intelección y la explicación.) Como en las explicaciones que deben encontrarse en las ciencias físicas, la causa está en el *explanans* y el efecto en el *explanandum* en las explicaciones basadas en la dirigibilidad-a-un-fin. (Lo que, a la luz de los primeros comentarios de esta sección, no es sorprendente.) La adaptación en el pasado de aves con 4 huevos —de que se habla en el *explanans*— es la causa de que la nidada actual del avefría sea de 4 —de esto se habla en el *explanandum*—. Sin embargo, en explicaciones funcionales, la posición de la causa y la posición del efecto están invertidas. Explicar los ojos en términos de su función —ver— es explicar la causa en términos del efecto —la visión—. De modo semejante, al pedir una explicación sobre la nidada del avefría, ésta se hará en términos de lo que sucederá con los huevos y no en términos de lo que sucedió antes con ellos. Y desde luego, el discurso más general sobre funciones continúa refiriéndose al futuro. Aun cuando se adopte mi versión y hablemos de adaptaciones en lugar de hablar de funciones, se harán referencias al futuro, pues se está hablando de probabilidades de supervivencia y reproducción en el futuro.

Ahora bien, volveré a recalcar que esto no significa que las causas futuras tengan sitio en Biología, simplemente que el punto principal está en que los ojos y los huevos son anteriores y producen respectivamente la visión y la descendencia. Sin embargo, este orden de causa y efecto en las explicaciones (y la referencia general al futuro, cuando se habla de funciones) indica, en mi opinión, algo importante: hay, en cierto sentido, un irreductible elemento teleológico en Biología. No es el tipo de teleología de causas futuras —que no tiene más lugar en Biología que el que pudiera tener en Física—, sino una genuina teleología que nos sirva para comprender el mundo refiriéndonos más al futuro que al pasado. Tratamos de entender los ojos y los huevos refiriéndonos a lo que harán, más bien que (o tanto como) refiriéndonos a lo que hicieron antes. Se podría argüir probablemente que una ciencia adecuada solamente necesita comprender el pasado (y el presente)

y ello podría ser cierto. Sin embargo, tal intelección podría no incluir la comprensión implicada por el futuro (esto parece una observación lógica). Por lo tanto, concluyo que en cierto sentido (cuya significación discutiré en el siguiente capítulo), dado que consideramos útil examinar el mundo orgánico tanto respecto a su futuro como a su pasado, la Biología tiene un aroma teleológico intraducible que la distingue de las ciencias físicas (o al menos, de casi todas las partes de las ciencias físicas). Pero obsérvese que la Biología no tiene necesariamente un aroma teleológico que no pueda eliminarse; se podría simplemente sustituir cada explicación funcional con una explicación no-teleológica —por ejemplo, se podrían explicar las ubres de las vacas actuales por referencia a la selección en vacas del *pasado,* más que por referencia a la supuesta actividad futura de las ubres de las vacas actuales—. De hecho, éste es, en mi opinión, el tipo de táctica que los biólogos estarían a menudo tentados a adoptar. Sin embargo, me parece que en tal caso, no se está traduciendo una explicación, sino más bien, sustituyendo una explicación teleológica por una explicación no-teleológica diferente. La teleología misma no puede ser traducida de un modo que la destruya[4].

[4] Me imagino que las conclusiones que acabo de sacar acerca de la teleología en la Biología serán indigeribles, si no inaceptables, para muchos lectores. Para zanjar algunas dudas, señalaré que, en cierto sentido importante, las explicaciones biológicas funcionales son anacrónicas, aunque sean todavía tan comunes que no sugiero que los que las emplean, sean anacrónicos. Las explicaciones funcionales son una herencia de la era biológica predarwiniana y preevolucionista, cuyo paradigma biológico dominante era el argumento finalista (basado en la existencia de Dios). Así, Whewell podía escribir que «cada miembro y órgano no produce meramente un cierto efecto, [sino] que es planeado para producir ese efecto; ...cada órgano está diseñado para su función apropiada ... cada parte de la disposición total tiene su *causa final:* un fin al que está adaptado y en el que reside la razón de lo que es y de dónde está» (Whewell, 1840, 2, 79-80). Aquí las cosas están siendo claramente explicadas en función de lo que llamaríamos sus efectos; los evolucionistas modernos pueden hacer (y hacen) lo mismo, no porque confíen en el Designio divino, sino por la forma repetitiva en que actúa el proceso de selección que permite suponer que lo que sucedió en las generaciones pasadas, ocurrirá en el presente y en el futuro, por el efecto de cuasi Designio divino que tiene la selección (Cf. Young, 1971, para un análisis de cómo el pensamiento teleológico predarwiniano encontró una brecha para entrar en el *Origin (El Origen)* y en obras biológicas posteriores. Cf. también Wimsatt (1972), donde se presenta un análisis magistral del pensamiento biológico funcional; análisis que me gustaría considerar complementario más que contrario al mío.

Capítulo 10

LA BIOLOGIA Y LAS CIENCIAS FISICAS

A través de todo este libro, nos hemos topado constantemente con la cuestión de hasta qué punto se asemeja la Biología a las ciencias físicas. Finalmente trataremos la cuestión, porque pretendo ahora discutir las implicaciones de los recientes e interesantes desarrollos de la Biología que se derivan del intento de suprimir la distancia entre la Física y la Química, por un lado, y la Biología, por otro. Expondré primero brevemente los principales resultados obtenidos en el área de la Biología que más ha sentido la embestida de las ideas y técnicas de las ciencias físicas: la Genética. En segundo lugar, consideraré la relación entre la nueva «Genética molecular» y la antigua Genética mendeliana, no-molecular. En tercer y último lugar, suscitaré la cuestión de si podemos esperar que llegue el día en que la Biología desaparezca como disciplina autónoma. Consideraré en particular cierto número de argumentos esgrimidos por los biólogos «organicistas» que defienden la independencia de la Biología.

10.1 Genética molecular

A diferencia de la Genética mendeliana, no se puede comprender realmente la Genética molecular sin considerar primero la naturaleza de la célula al enfocar los problemas de la herencia. Ahora

bien, desde un punto de vista molecular, casi todas las células parecen estar formadas por dos tipos de elementos: en primer lugar, las proteínas estructurales que forman los bloques constructivos de la célula y van a constituir las paredes, membranas, etc. En segundo lugar, las enzimas, proteínas que actúan como catalizadores y capacitan a la célula para realizar sus actividades químicas de análisis y síntesis de una manera ordenada, a una temperatura menor de la que tales actividades requerirían sin su presencia. Las proteínas son cadenas de polipéptidos o combinaciones de tales cadenas, que son, a su vez, moléculas largas, como cuerdas formadas literalmente por cientos de eslabones, cada uno de los cuales es una amino-ácido. Como las proteínas juegan un papel tan ubicuo en la célula y tienen tantas partes, parecería una tarea que trasciende la capacidad humana el intentar comprender, aun en apariencia, el nivel molecular de la célula y, por lo tanto, los problemas de la herencia. Sin embargo, por formidable que pueda ser la tarea, hay algunas guías para el pensamiento. La principal guía en este aspecto es que, aunque hay tantas proteínas diferentes que realizan cada una tan diferentes tareas, los tipos de ladrillos constructivos de amino-ácidos se restringen a veinte. Parece, por lo tanto, que cualquier diferencia en proteínas sería función de una diferencia en el orden de los amino-ácidos. Utilizando como clave este hecho, podemos comenzar a descubrir algunos secretos moleculares de la célula y construir una teoría genético-molecular muy detallada.

Primero, se deben localizar dentro de la célula los patrones que sirven tanto para la manufactura de provisiones frescas de proteínas, como para su propia reproducción y que pasan así a nuevas células la información requerida para la síntesis proteínica. Resulta que estos patrones no son en sí mismos proteínas, sino, por el contrario, ácidos nucleicos. Hay dos tipos de ácidos nucleicos: el ácido desoxirribonucleico (ADN) y el ácido ribonucleico (ARN), pero, como es el primero el que en última instancia lleva la información genética, examinémoslo muy de cerca.

En organismos superiores, el ADN se encuentra en los cromosomas, pero en los pequeños organismos que no tienen cromosomas, el ácido nucleico debe hallarse suelto dentro del organismo. Otra de las largas macromoléculas que prevalecen mucho en la célula, es un polímero de azúcares de deoxiribosa unidos por eslabones de fosfatos. A cada azúcar está ligado, como costado

de la cadena, una base nitrogenada que debe ser de alguno de estos cuatro tipos: adenina, guanina (purinas), timina o citosina (pirimidinas). (Las bases, junto con los azúcares y fosfatos, son llamados «nucleótidos»). La molécula de ADN se presenta normalmente en pares y las dos moléculas están enrolladas una en otra formando una hélice. Se encuentra que la adenina de una molécula hace pareja con la timina de la otra y que la guanina hace pareja con la citosina, y se cree que por estas cuatro bases en orden, a lo largo de la molécula de ADN, se transporta la información requerida para elaborar nuevas proteínas.

Ahora bien, como hemos visto, el ADN debe ejecutar dos tareas. La primera es la reproducción de esta información para que pueda transmitirse a las nuevas células. Para que esto ocurra, los dos filamentos de ADN en hélice comienzan a separarse y luego, con la ayuda de las enzimas, nucleótidos complementarios, se alinean con los nucleótidos en cada uno de los filamentos separados de ADN. Así pues, el orden preciso de los nucleótidos se transmite al nuevo filamento de ADN, aunque obviamente el nuevo filamento es complemento del antiguo y debe, por consiguiente duplicarse a sí mismo, antes de llegar a ser un filamento de ADN, idéntico al primero. La segunda tarea del ADN es hacer proteínas —que no elabora directamente sino por un intermediario—, el ARN. El ARN es semejante al ADN en que es un largo filamento de nucleótidos, pero mientras el ADN tiene timina, el ARN tiene uracilo. Parece haber tres tipos de ARN, todos con diferentes funciones en la célula: el ARN mensajero (mARN), el ribosoma ARN (rARN) y el ARN soluble o transferente (sARN o tARN). Los tres tipos son una copia del ADN, así como el ADN es una réplica de sí mismo, con la única diferencia de que interviene una enzima distinta y de que, obviamente, el uracilo (no la timina) hace pareja con la adenina. Las moléculas de rARN, junto con algunas proteínas van a formar los ribosomas, que, a su vez, sirven como lugares para la síntesis proteínica en la célula. El mARN se traslada del núcleo a los ribosomas, llevando consigo la información necesaria para la síntesis de las distintas proteínas. Finalmente, el sARN recoge aminoácidos libres en la célula y los lleva hasta los ribosomas, donde pueden alinearse en el orden apropiado con el mARN, juntarse y moldearse como cadenas polipeptídicas completas. Así se obtienen todas las importantes síntesis de proteínas.

Esto es claramente sólo un bosquejo de la reproducción del ADN y de la síntesis de proteínas. Necesariamente se han omitido muchos pasos importantes. Un paso que no debería omitirse es que las proteínas constan de veinte amino-ácidos, pero el ARN (como el ADN) lleva sólo cuatro nucleótidos distintos. Esto significa que no puede haber una proporción 1-1 entre los nucleótidos del ARN y los aminoácidos de las proteínas. Se sugiere que tres nucleótidos codifican un aminoácido y, como hay 43 posibles tríos distintos de nucleótidos ordenados, se sugiere también que muchos de los tríos degeneran (es decir, codifican el mismo amino-ácido) y que otros tríos no tienen sentido en absoluto (es decir, no codifican ningún ácido). Recientemente, biólogos moleculares han hecho grandes avances en la investigación de cuáles son exactamente los tríos que codifican los amino-ácidos y cuáles son éstos exactamente.

A lo largo de la discusión, hemos supuesto que todo se hace conforme a un plan; sin embargo, aun en el mundo molecular, las cosas pueden ir mal. Así pues, veamos ahora cómo podría romperse la síntesis normal de proteínas. El lugar más evidente donde podrían comenzar los problemas es la molécula de ADN. En efecto, si algo pasa aquí, no sólo podría reflejarse directamente en las proteínas de la célula en cuestión, sino también probablemente transmitirse a las nuevas células. Parecen posibles tres tipos de alteraciones en la cadena informativa del ADN: los nucleótidos podrían agregarse a la cadena, podrían ser eliminados y los nucleótidos originales podrían alterarse. Parece que estos tres tipos de cambios ocurrirían; sin embargo, al parecer, también en los tres casos, el efecto total puede afortunadamente no ser tan drástico como se podría temer. Cuánto pudieran interrumpirse las operaciones de la célula, depende ampliamente de circunstancias particulares. Considérese primero la agregación o destrucción de nucleótidos. Como se menciona poco antes, el código del ácido nucleico se interpreta en grupos de tres y, por lo tanto, la agregación o destrucción de uno o dos nucleótidos es capaz de producir una gran ruptura, sobre todo, si tal alteración ocurre al comienzo de la cadena. Sin embargo, la agregación o destrucción de un grupo de tres nucleótidos (o un múltiplo de tres) deja intacto todo el código original (o casi todo), particularmente si los tres nucleótidos agregados (o destruidos) están estrechamente unidos. Como podía esperarse, se deja entender que los códigos alterados

de este modo son a menudo capaces de producir proteínas que funcionan normalmente o con capacidades sólo levemente reducidas. Una situación similar ocurre en los cambios de código que tienen lugar por la alteración de nucleótidos simples. Podrían ocurrir varias cosas distintas: en primer lugar, la alteración de un nucleótido podría alterar el trío del que es parte cambiándolo por un trío que codifica el mismo amino-ácido, en cuyo caso la proteína quedaría invariable. En segundo lugar, podría cambiar su trío al código de un ácido diferente (esto se llama «mutación de sentido equivocado»); con lo que se tendría una proteína muy similar a la proteína normal con algunas o todas las capacidades de la proteína normal. En tercer lugar, el cambio podría producir un trío sin amino-ácido correspondiente (una «mutación sin sentido»). Como se piensa que un trío que no tiene sentido, puede terminar la síntesis de la cadena proteínica polipeptídica, la medida presunta en que una mutación sin sentido averiaría la proteína, dependería en parte de cuán cerca del fin de la cadena ocurriese esta mutación.

Por consiguiente, queda claro que los cambios en el código de ADN pueden ocurrir de varias maneras y tener varios efectos: pueden no afectar a la síntesis proteínica, pueden reducir la efectividad de la proteína, pueden cambiar su función, pueden detener totalmente su síntesis, o hacerla volver a su forma original. Debería señalarse que el último caso, cambio de la proteína para hacerla volver a su forma original (o al menos a su función original), no significa necesariamente que la secuencia del ácido nucleico vuelva a su forma original.

Consideremos finalmente, en esta sección, el fenómeno de sobrecruzamiento [*crossing-over*]. Se ha descubierto que éste ocurre no sólo entre cromosomas, sino también entre simples filamentos de ADN. Aunque su causa última es todavía desconocida, ha sido bastante clarificada. Nos es de particular importancia que los biólogos moleculares hayan sido capaces de demostrar que el sobrecruzamiento [*crossing-over*] puede ocurrir entre muchos pares básicos de una molécula de ADN, si no en casi todos. Si esto es así, parece entonces que la unidad mínima de sobrecruzamiento (es decir, la unidad mínima en la que puede realizarse el sobrecruzamiento) sería probablemente un simple par de nucleótidos emparejados. Como veremos en la sección siguiente, de este hecho pueden sacarse consecuencias de gran interés filosófico.

Mucho más podría escribirse sobre los hallazgos de la Biología

moleculo-celular; creo, sin embargo, que hemos reunido un material biológico suficiente para nuestros propósitos. Pasemos, pues, al análisis de la relación entre la Genética molecular y la Genética no-molecular que estudiamos en los primeros capítulos de este libro (Watson 1965, 2.ª ed. 1970, constituye una buena introducción a la Genética molecular).

10.2 La relación entre Genética molecular y Genética mendeliana

Muchos filósofos arguyen que, aunque una nueva teoría pueda desplazar completamente a las anteriores, hay a menudo una continuidad entre las teorías anteriores y la nueva, porque las teorías anteriores pueden presentarse como casos especiales derivados de las premisas más generales de la nueva teoría. Recientemente, sin embargo, algunos filósofos han arguido que esta «reducción» de una teoría a otra es una ficción filosófica, pues el cambio de teoría implica (desde el punto de vista de la verdad) siempre un rechazo completo de la teoría anterior. Para descubrir la verdadera relación entre la Genética molecular y la Genética mendeliana, comenzaré esta sección considerando con mayor detalle algunos argumentos de este debate sobre la reducción de teorías. Una vez hecho esto, creo poder clarificar algunos puntos de interés sobre las relaciones entre las dos Genéticas.

Preguntemos primero qué implicaría exactamente la reducción de una teoría. Ernest Nagel, convencido totalmente de que es posible la reducción de teorías, arguye que al hablar de que una teoría se reduce a otra, queremos decir que podemos demostrar que una teoría es una consecuencia *deductiva* de otra. Debemos poder demostrar que todas las proposiciones de la teoría, objeto de la reducción, pueden deducirse a partir de axiomas de la teoría que reduce. Ahora bien, Nagel admite que, algunas veces, la teoría reducida contiene términos que no se dan en la teoría reductora.

Por lo tanto, cuando las leyes de una ciencia secundaria contienen algún término «A» ausente de los presupuestos teóricos de la ciencia primaria, hay dos condiciones formales necesarias para reducir la primera a la segunda: (1) Deben introducirse suposiciones de cierto tipo que postulen las relaciones adecuadas entre lo que signifique «*A*» y los caracteres representados por los términos teóricos ya presentes en la ciencia primaria... (2) Con la ayuda de estos presupuestos adicionales, todas las leyes de la ciencia secundaria, incluso aquellas que

contienen el término «*A*», deben ser lógicamente derivables de las premisas teóricas y de sus definiciones asociadas coordinantes en la disciplina primaria (Nagel, 1961, 353-4).

Nagel llama a las condiciones (1) y (2) respectivamente condiciones de relacionabilidad y derivabilidad, y se esfuerza en señalar que debemos obviamente tener algunas razones para pensar que es conveniente aceptar los nexos inter-teóricos exigidos por la condición de relacionabilidad. No las tendríamos para pensar, por ejemplo, en una reducción que relacionara los repollos de una teoría con las moléculas de otra.

Kuhn (1962) y Feyerabend (1962) objetan completamente la idea de la reducción de teorías, basándose esencialmente en razones históricas. El problema, a su entender, parece residir no tanto en que Nagel esté formalmente equivocado, cuanto en que, como hecho histórico, nunca se ha reducido una teoría científica madura a otra teoría científica, tal como Nagel acaba de describir. Esto es, afirman que no se encuentra nunca una conexión deductiva entre una teoría y la que la sucede. Un ejemplo de Feyerabend para apoyar su tesis es el de la supuesta reducción de la Física de Galileo a la Física newtoniana. De hecho —destaca Feyerabend— podemos deducir de la Física newtoniana cosas muy cercanas a las leyes del movimiento de Galileo, pero *no las leyes exactas*. Mientras el cociente H/R (donde H es la altura sobre el nivel del suelo de los procesos descritos y R es el radio de la Tierra) es finito, las leyes de Galileo no se seguirán deductivamente de las leyes de Newton. Pero, obviamente H/R es siempre finito y, por consiguiente, Feyerabend concluye que una reducción de tipo nageliano es imposible. El ejemplo de Kuhn presenta la supuesta reducción de la Física newtoniana a la Física de Einstein. Kuhn arguye, como Feyerabend, que aquí tampoco hay una relación deductiva. Aun cuando consideremos solamente bajas velocidades en las que algunas de las leyes de Einstein son, al parecer, más o menos semejantes a las leyes de Newton, tal similitud es aparente. Los conceptos de las dos leyes son muy diferentes. Por ejemplo, «la masa newtoniana se conserva; la de Einstein se convierte en energía» (Kuhn, 1969, 101). De ahí que Kuhn, como Feyerabend, generalizando a partir de unos cuantos ejemplos históricos, concluya que nunca puede darse una reducción del tipo descrito por Nagel.

Volvamos a la Biología, preguntando a cuál de estas dos posiciones extremas parece aproximarse más la relación entre la Biología no-molecular y la molecular. En primer lugar, ¿es razonable suponer que tenemos aquí una relación reductora del tipo descrito por Nagel? Pero, obviamente, si vamos a argumentar en favor de una reducción, debe repararse una omisión notable. En la discusión de la última sección, no se hizo ninguna mención del concepto central de la Genética mendeliana: el gene. Antes de tener una reducción, debemos adquirir algunos nexos que nos permitan pasar del discurso molecular al discurso sobre el gene mendeliano.

Obviamente, si encontramos tales nexos, en un extremo de éstos se hablará de las moléculas de ADN y en el otro, se hablará de los genes mendelianos. Como hemos visto, las moléculas de ADN pueden considerarse, en cierto sentido, como causas últimas de los caracteres celulares, como unidades de la herencia, como fuentes de nuevas variaciones, como entidades de sobrecruzamiento, exactamente como, según hemos visto, los genes mendelianos pueden considerarse como causas últimas de los caracteres genotípicos, etc. La cuestión principal es precisamente *en qué medida* el ADN debe ser postulado como equivalente al gene mendeliano. De nuevo, hay, al parecer, una respuesta obvia. Como vimos en el segundo capítulo, el rasgo que define al gene mendeliano, es ser unidad de función, esto es, la unidad responsable, en última instancia, de la contribución del organismo a los caracteres fenotípicos. De ahí que parezca mejor sugerir que el gene mendeliano sea considerado equivalente sólo al ADN suficiente para actuar como unidad de función, aunque debería recordarse que al hablar de una molécula de ADN que actúa como unidad de función, queremos decir generalmente algo ligeramente distinto de lo que se quiere decir al hablar de un gene mendeliano que actúa como unidad de función. Hablar del ADN *qua* función es decir que algo actúa como causa de las cadenas polipeptídicas; hablar de un gene mendeliano *qua* función es afirmar que algo actúa como causa de caracteres fenotípicos. A veces, ambas cosas coinciden (después de todo, el interior de la célula es parte del fenotipo), sin embargo, tal coincidencia no es necesaria. Hay una diferencia entre los ojos azules y los polipéptidos que los causan.

Vale quizá la pena mencionar que, de hecho, los biólogos moleculares utilizan el término «gene», introduciendo en su significado

el ADN en cantidad suficiente como para que pueda ser causa de un producto celular (es decir, una cadena polipeptídica). Siendo esto así, nuestra siguiente pregunta es si, identificando genes moleculares concretos con genes mendelianos concretos, obtendríamos una reducción del tipo descrito por Nagel. A primera vista, la respuesta sería afirmativa: una parte de la reducción trataría de satisfacer la condición de derivabilidad que exige, a su vez, que, a partir de premisas moleculares, se deduzcan leyes de Biología celular no-molecular, por ejemplo, las leyes de Mendel. Ahora bien, el intento de obtener la primera ley de Mendel, a partir de premisas moleculares parece muy prometedor. La ley que exige que las unidades de herencia sean las unidades de función, es válida para los genes moleculares. La ley que exige que las unidades de herencia estén individualizadas y no se mezclen en cada generación de modo irrecuperable, es válida para los genes moleculares (al menos, en el sentido de que los nucleótidos no se mezclan de modo irrecuperable). Asimismo no hay razón alguna para negar que tanto los genes moleculares como los mendelianos cumplen con la ley que exige que las unidades de herencia se distribuyan de manera particular, de una generación a la siguiente. De ahí que, a primera vista, las probabilidades de una reducción parezcan francamente favorables. Se comienza con los importantes enunciados sobre los genes moleculares (por ejemplo, que tales genes están individualizados), se añaden los nexos que relacionan los genes moleculares con los genes mendelianos, se concluye con algunas proposiciones acerca de cadenas polipeptídicas, que son caracteres fenotípicos (o causan tales caracteres), y entonces se deduce algo notablemente parecido a la primera ley de Mendel, a una premisa clave de la Genética mendeliana. (Obsérvese que no es necesario para una reducción que cada gene molecular tenga un equivalente mendeliano; lo necesario, suponiendo que tratemos de reducir leyes que se refieren a todos los genes mendelianos, es que cada gene mendeliano tenga un equivalente molecular.) Supóngase entonces que «Mx» significa «x es un gene mendeliano»; «mx» significa «x es un gene molecular (de un tipo que incluye a todos los que tienen equivalentes mendelianos)»; «px» significa «x es un tipo especificado de fenómeno molecular»; «Px» significa «x es un tipo especificado de fenómeno biológico». Supóngase también la ley molecular $(x)\ (mx \rightarrow px)$, es decir, «toda m es p», o «toda m produce p», y que es válido $(x)\ (px \rightarrow Px)$, es decir,

«el fenómeno molecular p implica o causa necesariamente el fenómeno biológico P». Entonces, en virtud de x $(Mx \rightarrow mx)$, podemos pasar deductivamente de la ley molecular (x) $(mx \rightarrow px)$ a la ley biológica (x) $(Mx \rightarrow Px)$. Aparentemente, puede hacerse una reducción de la primera ley de Mendel que encaje en este *esquema* general, aunque este análisis podría ser probablemente más sencillo en teoría, que en la práctica, en algunas derivaciones. (Puede haber, por ejemplo, ciertos genes mendelianos que equivaliesen a una combinación de genes moleculares.)

En mi opinión, se puede demostrar desafortunadamente que este aparente éxito reductivo de la primera ley de Mendel a la Genética molecular es ilusorio. Cuando consideremos las mutaciones y, más particularmente, el sobrecruzamiento [crossing-over], veremos que las dos Genéticas entran en conflicto y, consecuentemente, parece imposible una reducción según la pauta sugerida por Nagel. La Genética no-molecular supone que la unidad de función, la unidad de mutación y la unidad (mínima) de sobrecruzamiento [crossing-over] son una misma cosa. La Genética molecular separa estas unidades; en particular, admite que la mutación y el sobrecruzamiento pueden implicar sólo partes mínimas del gene molecular, no más de un nucleótido (o unos cuantos, de los cientos que puede haber en el gene molecular). Pero ello significa que, aunque los genes moleculares y mendelianos comparten muchas propiedades, ningún gene en sí mismo puede ser identificado con otro o ser equivalente a otro. De ahí que la derivación de la primera ley de Mendel a partir de la Biología molecular, hecha del modo bosquejado arriba, sea ilegítima y la esperanza de obtener ésta u otras leyes por medios alternativos, parezca obviamente alejarse, o perderse por completo. Por ejemplo, la versión revisada de la segunda ley de Mendel admite que el sobrecruzamiento puede ocurrir entre las unidades de función del mismo cromosoma, pero no dentro de ellas. Un equivalente molecular de esta ley debería admitir el sobrecruzamiento dentro de las unidades de función del mismo cromosoma y, por tanto, difícilmente podría esperarse derivar la segunda ley de Mendel del equivalente molecular más próximo[1].

[1] La coherencia entre dos teorías es una condición necesaria para reducir una a la otra, aunque no es claramente una condición suficiente. Por supuesto, cuando hay dos teorías expresadas en diferentes términos (como ocurre aquí), se podría tratar de evitar la incongruencia; con ello, sería posible hacer una

Por consiguiente, la fortuna ha abandonado, al parecer, completamente a Nagel, que está equivocado (o lo estaría si supusiera aquí una relación reductora) y favorece ahora a Kuhn y Feyerabend, que tienen razón al negar la existencia de tales relaciones. Sin embargo, en realidad, la situación es verdaderamente bastante más complicada. Mucho antes de 1953, año en que Watson y Creick descubrieron la estructura de la molécula de ADN e hicieron sugerencias positivas sobre su papel en la herencia, los biólogos sospechaban (por razones biológicas) que el concepto de gene mendeliano, como se ha presentado hasta ahora, era inadecuado. Este concepto de gene, a menudo conocido como «concepto clásico de gene», considera los genes como cuentas de un rosario. Pero, anteriormente, en 1925, Sturtevant descubrió que el concepto clásico de gene no alcanzaba a dar cuenta de todas las facetas de la compleja historia de la herencia. En particular, Sturtevant (1925) descubrió el llamado «efecto de posición», a saber, que el orden de los genes en un cromosoma puede afectar a su resultado fenotípico. Específicamente, Sturtevant descubrió que dos genes idénticos que están en el mismo cromosoma (próximos uno al otro) y que son heterocigotos respecto a genes de tipo silvestre, pueden tener un efecto más fuerte que dos genes homocigóticamente opuestos entre sí, en diferentes cromosomas. En años posteriores, los biólogos continuaron aportando pruebas de que el concepto de gene mendeliano, como se había tomado hasta entonces, no alcanzaba a dar cuenta de todas las sutilezas de la herencia; después, en los años cincuenta, gracias particularmente a las llamadas «estructuras genéticas afinadas», el viejo concepto clásico de gene fue totalmente desplazado y reemplazado por cierto número de conceptos más exactos. Veamos cómo ocurrió esto. (Cf. también Carlson, 1966; Whitehouse. 1965.)

Desde Mendel, los genetistas han buscado los organismos ideales para hacer experimentos. Se requieren organismos que se reproduzcan rápidamente, que tengan mucha descendencia (pues ello da lugar a una alta proporción de mutaciones y de diferentes tipos de sobrecruzamiento), y cuyos nuevos mutantes y los resulta-

---

reducción comparando diferentes nexos que enlacen las teorías. Pero en este caso no alcanzo a ver qué nexos podrían ser reemplazados por los que se sugieren, por ejemplo, para las moléculas y los genes mendelianos. Y aun encontrando alternativas, quedaría todavía en pie la cuestión de por qué debería uno aceptarlas como verdaderas.

dos del sobrecruzamiento sean tales que puedan ser rápidamente identificados. La *Drosophila* (mosca de la fruta), el clásico organismo preferido de los genetistas, representa un gran avance sobre los guisantes de Mendel; pero ni las moscas de la fruta ni los guisantes pueden, en ningún sentido, compararse con los organismos que Benzer (1962) y otros comenzaron a utilizar: las bacterias (por ejemplo, *Escherichia coli)* y los virus (a menudo, llamados «fagos») que atacan a estas bacterias. Los fagos, que son poco más que las vainas que contienen los desnudos filamentos del ácido nucleico, se reproducen muy rápidamente, son haploides (es decir, no hay problemas de genes dominantes que enmascaran otros genes). Los nuevos mutantes y las recombinaciones raras debidas al sobrecruzamiento pueden detectarse entre millones de individuos menos interesantes, controlando los medios en que crecen los fagos y las bacterias.

Mediante el uso de tales organismos y técnicas, Benzer y otros pudieron realizar un análisis de estructura afinada sobre la unidad de función biológica y demostraron rápidamente que esta unidad no coincide con la unidad de mutación ni con la unidad mínima de sobrecruzamiento. La mutación y el sobrecruzamiento pueden ocurrir dentro de la unidad de función y evidentemente implicar mínimas partes de la unidad total. Por eso, sugirió Benzer dividir el concepto clásico de gene mendeliano en tres: la unidad funcional que llamó «cistrón», la unidad de mutación que llamó «mutón» y la mínima unidad de sobrecruzamiento que llamó «recón». Otros genetistas han aceptado esta división del viejo concepto (que, entre otras cosas, explica el efecto de posición). Es importante destacar que Benzer pudo hacer esta división basándose en experimentos en que se empleaban técnicas de cultivo y control de mutación y sobrecruzamiento muy sofisticadas, pero *puramente biológicas*.

Ahora bien, si consideramos no la antigua Genética clásica mendeliana, sino la Genética de estructura afinada, que es nueva, pero sigue siendo todavía puramente biológica, la tarea de demostrar la posibilidad de una relación de reducción de tipo nageliano entre la Genética molecular y la no-molecular, parece, entonces, una vez más, pertenecer al dominio de lo posible. Se relaciona el cistrón (biológico) con el gene molecular (no-biológico), el mutón (biológico) y el recón (biológico) con unos cuantos pares de nucleótidos no biológicos de la molécula de ADN. (En realidad,

Benzer concluyó que el número de dichos pares entre los del mutón y del recón, podía ser inferior a 5.) Así, con tales nexos entre lo biológico y lo no biológico, puede esperarse cumplir con la condición de derivabilidad, pues desaparecen los conflictos que había anteriormente. Como Benzer (1962) escribe: «todo lo que hemos aprendido acerca de la estructura genética afinada del fago T4 es compatible con el modelo Watson-Crick de la molécula de ADN.» Así, por ejemplo, las dos leyes de Mendel (que hoy, a nivel biológico, hablan de cistrones más que de genes clásicos) pueden derivarse de premisas moleculares conjugadas con estos nexos entre lo biológico y lo molecular. (Obviamente, la segunda ley de Mendel debe ser reformada para que admita el sobrecruzamiento en el interior de los cistrones, pero, en todo caso, esto es una reforma biológica.) La incompatibilidad entre las dos Genéticas ha desaparecido y puede demostrarse que (en principio) una es consecuencia de la otra. (En esta discusión, se han hecho necesariamente cierto número de simplificaciones, pero, en mi opinión, las suposiciones hechas no distorsionan enteramente la realidad. He ignorado totalmente, por ejemplo, todos los factores relativos a la sexualidad, que complican la situación.)

En consecuencia, sugiero que probablemente haya aquí una situación afín a la descrita por Nagel, aunque ni siquiera la Genética esté tan rigurosamente formalizada como Nagel supone que toda ciencia debe estarlo. Debo confesar que, estrictamente hablando, a mi modo de ver, no hay en la situación actual, barreras teóricas para una reducción de tipo nageliano; más aún, hay indicios obvios de cómo debería hacerse. Por otra parte, tal reducción ha sido rigurosamente realizada. (Como he destacado, aparte de cualquier otra cosa, aunque la eliminación del conflicto sea condición necesaria para una reducción, no es condición suficiente.) Pero sugiero también que la reciente historia de la Genética mostraría que, si alguien afirmase que la teoría reducida está siempre totalmente terminada, antes de que llegue la teoría reductora, estaría equivocado. Al parecer, aquí tanto la teoría reducida como la teoría reductora, se desarrollan simultáneamente (y obviamente, no en total aislamiento). Sólo después de este desarrollo, lo físico-químico y lo biológico se armonizan y abren camino a una reducción, o al menos, a una posible reducción[2].

[2] Quizá sea importante destacar que, al parecer, no existe todavía ninguna

10.3. La postura organicista

Aun cuando mi argumentación de la última sección sea correcta, es obviamente todavía muy remota la posibilidad de afirmar que todo el conjunto de la Biología podría ahora, o en algún tiempo, ser parte de la Física y de la Química. Aunque la Genética juegue un papel absolutamente central en la Biología, hay en ésta, muchísimas cosas además de esta teoría. De ahí que, dado el estado actual de la discusión, no podamos aún contestar a la pregunta más frecuentemente planteada acerca de la Biología, a saber: ¿Llegará el día en que la Biología pierda su condición autónoma y se convierta en sólo una rama de las ciencias físicas? Esperando aclarar un poco el problema que plantea, a esta cuestión está dedicada esta sección (Cf. también Schaffner, 1967b).

Ahora bien, para guardar cierto sentido de la proporción, comencemos la discusión reconociendo los logros que hasta ahora han alcanzado los biólogos moleculares —logros que realmente han llevado áreas anteriormente biológicas a la esfera de las ciencias físicas—. Aparte áreas básicas de Genética, los estudios moleculares de Biología progresan a pasos agigantados y son muy fructíferos. Por ejemplo, en el área de la normalmente llamada «Bioenergética» —parte de la Biología que se ocupa de los flujos energéticos a través de los sistemas vivos—, la aplicación de ideas y técnicas de las ciencias físicas ha rendido grandes beneficios. Se sabe desde hace mucho tiempo que la fuente última de energía biológica es la luz solar que captan las plantas verdes, pero sólo recientemente se ha descubierto el modo preciso de la transformación y uso

---

reducción real que, a partir de una teoría molecular, llegue a una teoría puramente biológica. En efecto, leyendo los trabajos de los biólogos, se tiene la impresión de que todo el problema de la reducción es más bien filosófico que científico. Ciertamente, los biólogos no mantienen rigurosamente separados los estudios moleculares de los estudios biológicos, con cierta intención de mostrar los nexos deductivos que los unen. Parece más bien haber una fusión bastante casual de los conceptos moleculares y biológicos. Por tanto, los biólogos (por ejemplo, Dobzhansky (1970) parecen no tener escrúpulo en introducir el discurso sobre los genes *qua* segmentos de ADN dentro de las discusiones esencialmente biológicas. Y Probablemente por esta razón, muchos biólogos no se han molestado en adoptar los conceptos de cistrón, mutón y recón, sugeridos por Benzer, sino que hablan todavía en términos de «genes» y se refieren directamente a la estructura del ADN, cuando pretenden establecer las distinciones que intentan reflejar los conceptos de Benzer.

de tal energía, aplicando las ideas de la Física y de la Química, particularmente la segunda ley de la Termodinámica. El aspecto más interesante de la Bioenergética es quizá que, debido sobre todo al estudio de los flujos energéticos, se han analizado partes de la célula como las mitocondrias y los cloroplastos tan minuciosamente que se han podido entender sus estructuras y texturas reales, en términos moleculares. No se necesita ya considerar los materiales que forman los organismos, en cierto sentido, irreductiblemente biológicos, como recipientes inertes, donde ocurren las reacciones químicas, pues se ha descubierto ahora que son partes íntimas y vitales de todo el proceso, a través de su constitución molecular.

Sin embargo, a pesar de los grandes éxitos del estudio molecular en Genética, bioenergética y otras áreas de la Biología, no puede negarse que seguimos estando muy lejos de entender completamente, desde el punto de vista físico-químico, el espectro total de los fenómenos biológicos. Aun ignorando los estudios de paleontólogos, sistemáticos, etc., sigue siendo cierto que, en casi todos los niveles básicos, hay problemas que desafiarán el ingenio de los biólogos moleculares en los años futuros. En efecto, Watson escribe de *Escherichiacoli,* el organismo mejor entendido en el nivel molecular:

> Algunas moléculas celulares, en particular las proteínas y ácidos nucleicos, son muy grandes y aun hoy día, es enormemente difícil poner en claro sus estructuras químicas. No se ha estudiado activamente la mayor parte de estas macromoléculas, pues su abrumadora complejidad ha forzado a los químicos a limitarse a una cuantas. Así pues, debemos admitir sin más que no se entenderá nunca la estructura de una célula del mismo modo que las moléculas de agua o glucosa. No solamente seguiremos sin poner en claro la exacta estructura de la mayor parte de las macromoléculas, sino que continuaremos conociendo sólo vagamente sus posiciones relativas dentro de las células (Watson, 1965).

Ante esta imposibilidad práctica de poder hacer una análisis completo del mundo orgánico, algún día (al menos en un futuro previsible), se suscita ahora la cuestión de si un completo análisis físico-químico es siquiera posible desde un punto de vista *teórico.* En algún sentido, se puede obviamente hacer un análisis físico-químico del mundo orgánico —un cuerpo que cae, ya piedra, ya elefante, obedece a la ley de Galileo—, pero sigue en pie la cuestión de si la Física y la Química pueden dar cuenta adecuadamen-

te de todos los aspectos del mundo orgánico que, hasta ahora, han sido considerados peculiarmente biológicos. Aspectos tales como el desarrollo de organismos, que, hasta ahora, han sido explicados por teorías biológicas más que por teorías físico-químicas.

En el pasado, muchos filósofos (y no pocos biólogos) argüían que era imposible que las ciencias físicas absorbieran la Biología y para fundamentar su oposición, suponían que los seres concretos del mundo viviente se distinguían de los no-vivientes, porque los primeros, a diferencia de los segundos, tenían «ciertas fuerzas *vitales*». La posesión de tal fuerza vital o *élan vital* (como la habría llamado Bergson) supuestamente hace que un ser vivo sea lo que es, y lo distingue de las cosas no-vivientes. Más aún, se argüía que ninguna teoría puramente físico-química podría captar adecuadamente la «verdadera esencia» de los seres vivos, pues ninguna teoría podría analizar estas fuerzas vitales. Hoy día, hay pocos biólogos partidarios del vitalismo, esto es, de la creencia en tales fuerzas, no tanto porque la creencia en tales fuerzas sea contradictoria, cuanto porque su existencia o no-existencia no parece tener la menor importancia para el esfuerzo biológico. Las fuerzas no se pueden detectar, no están sujetas a control experimental y los fenómenos que explicaban, parecen enteramente explicables de otro modo —un modo que no implica ninguna referencia a dichas fuerzas.

Sin embargo, aunque el vitalismo parezca ser un objeto pretérito, muchos biólogos continúan afirmando que siempre será posible una Biología independiente. Creen éstos que algunos aspectos del mundo biológico escaparán siempre a un análisis puramente físico-químico. Quiero examinar ahora los argumentos de los que se llaman a sí mismos «biólogos organicistas». Consideraré cinco de tales argumentos. Los primeros dos, a mi modo de ver, tienen poco o ningún mérito. Los tres siguientes tienen, en mi opinión, cierta fuerza, aunque no creo que prueben tanto como algunos de sus defensores parecen creer.

El argumento más común de los partidarios de que la Biología mantenga su condición de ciencia autónoma, se basa posiblemente en la afirmación de que los fenómenos biológicos son supuestamente *únicos*. Se arguye que los objetos estudiados por los biólogos —células, organismos, grupos— son únicos en un grado desconocido en las ciencias físicas. Pero —se arguye— las ciencias físicas pueden tratar sólo de fenómenos repetibles, no únicos y, por lo tanto —se concluye— la ciencia que se ocupa de los datos

biológicos no puede ser nunca enteramente físico-química. Por ejemplo, Bentley Glass, defensor de este argumento, escribe:

> La unicidad del suceso particular, inserto en la historia y evolución de la vida, parece un argumento incontestable en contra de la posibilidad de explicar todos los aspectos de la vida en términos de leyes de las ciencias físicas, que pueden demostrarse en sistemas no-vivos (Glass, 1963, 248).

En un capítulo anterior, señalé que la fuerza de este argumento radica principalmente en la confusión de diversos significados de «único». Indudablemente, en cierto sentido, los fenómenos biológicos son únicos e indudablemente también, en cierto sentido, las teorías físico-químicas no pueden ocuparse de un objeto único; pero la unicidad implicada en estos dos casos es de tipos diferentes. Mirando la cuestión desde cierto punto de vista, cada cosa es única aunque no sea más que porque tiene sus propias coordenadas espacio-temporales. El problema está en que los científicos abstraen y consideran solamente propiedades que comparten varias cosas. No parece haber ninguna razón que les impida hacer lo mismo con los fenómenos biológicos. Después de todo, los biólogos organicistas, de hecho, olvidan frecuentemente que ellos mismos se abstraen de lo único y consideran aspectos no-únicos. Considérese, por ejemplo, el concepto clásico mendeliano de gene, que es enteramente biológico. Impresiona que un caso particular de tal gene pueda repetirse infinitas veces y que todos estos casos sean *absolutamente idénticos*. Si transmito un gene causante de ojos azules a mi hijo, entonces la Genética clásica mendeliana postula que, excluidas las mutaciones, casos de mi gene y casos del gene de mi hijo sean del mismo tipo; no más o menos semejantes, sino indistinguibles entre sí, exactamente como dos átomos de hidrógeno son indistinguibles (aun para Dios). Como hemos visto, los biólogos moleculares distinguirán, paradójicamente, genes que no distingue el genetista clásico (pero sí los genetistas de estructura afinada). Sugiero, en consecuencia, que, aunque los argumentos organicistas basados en la unicidad biológica sean muy aceptados, de hecho la unicidad de los fenómenos biológicos no excluiría la molecularización total de la Biología. De un lado, aun en la situación actual, la Física y la Química pueden tratar de fenómenos únicos (mediante abstracciones); por otro lado, la Biología misma debe abstraerse de objetos únicos y ocuparse de regularidades ordinarias.

Otro argumento que goza de la aceptación de los biólogos organicistas es que, tanto en la Física cuántica, como en la Biología, se debe admitir un principio de *complementariedad*. Se arguye que las leyes biológicas están estructuradas para organismos vivos intactos y que, para investigar organismos a nivel molecular, es necesario despedazar el organismo y, por tanto, normalmente, matarlo. Así pues, se afirma que, como en la Física, cuanto más se acerca uno al objeto de la investigación, tanto mayor es la probabilidad de distorsionar alguna cosa. En particular, puede haber fenómenos específicamente biológicos que los métodos de Biología molecular ocultan necesariamente (Cf. Delbrück, 1949).

No es demasiado difícil demostrar que este argumento, como el anterior, no tiene mucho peso. Su gran debilidad es ser sólo una analogía de la Física y, aunque las analogías no son *per se* inválidas, deben, a mi modo de ver, darse argumentos para demostrar que son necesarias en Biología. Faltando tales argumentos exigibles, se queda uno con la profunda impresión de que la aplicación del principio de complementariedad en este contexto, es un mecanismo *ad hoc* para mantener la creencia que teníamos antes en la autonomía de la Biología, y no algo que en sí mismo obligue a aceptar la autonomía de la Biología. De ahí que, mientras no se encuentren fenómenos que puedan ser explicados solamente por un tipo de principio biológico de complementariedad, no se ve ninguna razón para tomar este argumento en serio. Además, el argumento parece rebotar en cierta medida contra la Biología no-molecular. Los biólogos no moleculares matan a menudo sus objetos antes de estudiarlos (los paleontólogos indudablemente nunca se ocupan de objetos vivos), y aunque se deje con vida a esos objetos, se alteran a menudo severamente sus modos de vida, de tal modo que ya no se comportan probablemente como lo hacían cuando no se les observaba (por ejemplo, como hemos visto, algunos organismos de la misma especie se niegan a criar en cautividad). Así pues, dado el principio de complementariedad, se podría argüir que los biólogos no moleculares corren el mismo peligro que los biólogos moleculares de perder de vista las cosas que hacen autónoma a la Biología.

Examinaremos ahora los tres argumentos que, a mi modo de ver, tienen un poco más de peso que los discutidos hasta ahora. (Los tres aparecen en Simpson, 1963b.) El primer argumento gira alrededor de la supuesta naturaleza *histórica* de los fenómenos orgá-

nicos. Hemos visto ya en funcionamiento algunos aspectos de este argumento en nuestra discusión de la teoría evolucionista, donde argumenté que algunas afirmaciones hechas sobre la base de la supuesta naturaleza histórica de los fenómenos biológicos, eran ilegítimas. En particular, argumenté que se debía hacer una distinción entre una teoría evolucionista y una vía filogenética particular que sigue un grupo de organismos. De no hacerla, se corre el riesgo de asignar a nuestra teoría una dimensión histórica que sólo es propia de la filogenia. Dicho esto, sin embargo, no puede negarse que los conceptos biológicos tienen comúnmente un elemento histórico que no se halla en los conceptos de Física y Química. Considérese, por ejemplo, el concepto de «agua». Cuando afirmamos que algo es agua (normalmente) no decimos absolutamente nada de su historia. No sabemos, por ejemplo, si se obtuvo por ignición de hidrógeno en oxígeno, o de metano en oxígeno, o de algún otro modo. Por otra parte, afirmar, por ejemplo que algo es un «cigoto», es decir algo de su historia: es una célula producida por la fusión de otras dos células, que proceden de dos organismos diferentes. Si no se originó de esta manera, no es un cigoto. De modo similar, al menos según entiende Simpson la Taxonomía, la afirmación de que algo es un miembro de *Homo sapiens* implica algo de su historia. Entre otras cosas, ha debido nacer de otro miembro de *Homo sapiens,* pues obviamente, de otro modo no sería miembro de este grupo. (Los primigenios miembros del grupo no estaban evidentemente sometidos a esta exigencia.) Por lo tanto, parece que la Biología trataría de tener en cuenta una dimensión histórica en los objetos que analiza, como no debe hacerlo ni la Física ni la Química.

Debemos preguntar qué se pretende exactamente probar con esto. ¿Significa que, por ejemplo, no se puede llegar, ni en teoría, a un análisis físico-químico adecuado de, digamos, fenómenos evolucionistas? Creería que no. En primer lugar, no es estrictamente verdadero decir que los conceptos de Física y Química no se refieren nunca al pasado. Considérese, por ejemplo, el fenómeno conocido como «histéresis». La densidad de flujo (hablando vulgarmente, la fuerza magnética) de un anillo de Rowland hecho de material ferromagnético (esto es, un anillo bobinado, con corriente a lo largo de la bobina) es una función no sólo de la intensidad magnética en un momento concreto (básicamente, la corriente que fluye en un momento concreto), sino también de la *historia pasada*

del anillo. Para poder afirmar algo de la densidad del flujo presente y de la intensidad magnética, se debe decir algo del pasado del «anillo». De ahí que, análogamente, se podría llegar, en el futuro, a una teoría que se ocupara de los aspectos históricos de los fenómenos biológicos y que, sin embargo, debiéramos todavía calificar de «físico-química», sobre la base de la Física y Química actuales, pues no parece haber ninguna razón lógica para que una descripción físico-química deba ser ahistórica.

Este argumento se complementa con otro, basado en que ni siquiera los biólogos parecen considerar el contenido histórico de sus conceptos como algo que deban defender a toda costa. Ya hemos visto cómo algunos taxónomos estudian, al parecer, menos que otros el aspecto histórico en sus taxones y parece que, aun en el caso del cigoto, el aspecto histórico podría omitirse. En su lugar, se requeriría una descripción morfológica y bioquímica de las células en cuestión, capaz de distinguirlas de otras células. Si se diera tal descripción, los biólogos no se sentirían, en mi opinión, despojados fraudulentamente de un viejo concepto, particularmente si, por ejemplo, se pudieran crear artificialmente células semejantes a los cigotos, que no pudieran distinguirse de los cigotos naturalmente producidos. De ahí que, como discutimos en el último párrafo, podría darse, en el futuro, una teoría que considerara solamente los aspectos ahistóricos de los fenómenos biológicos y que, sin embargo, sobre la base de la Biología actual, consideraríamos todavía inadecuada. (Trato de desarrollar este punto en un contexto muy diferente en 1970b.)

En realidad, según me parece, sería posible esperar un encuentro de la Física actual bastante ahistórica con la Biología bastante histórica; encuentro en que los conceptos serán mitad históricos y mitad ahistóricos. Me parece que nuestro pensamiento sobre el ADN ocupa ya este lugar intermedio. La molécula de ADN es obviamente, en cierto sentido, puramente química y quizá en este sentido, ahistórica. Sin embargo, ninguna molécula de ADN ha sido aún sintetizada enteramente sin la ayuda de otras moléculas semejantes. Por lo tanto, para afirmar que algo es ADN, se debe, en otro sentido, decir algo de su pasado, a saber, que otra molécula de ADN estaba implicada en su producción.

Sin embargo, aunque todas las observaciones que he hecho son, en mi opinión, verdaderas y extirpan el aguijón envenenado de los argumentos de los biólogos organicistas en favor de la

autonomía de la Biología, basados en la dimensión histórica de los fenómenos biológicos, un aspecto de este argumento sigue pareciendo válido. En efecto, en la situación actual, como la Física y la Química actuales son esencialmente ahistóricas y la Biología actual esencialmente histórica, parece improbable o imposible que las primeras puedan absorber a la segunda. Hasta que uno u otro bando cambie su actitud sobre la importancia del pasado en los conceptos de la ciencia, parece que las partes principales de la Biología estarían destinadas a permanecer autónomas.

El segundo argumento significativo que adelantan los partidarios de la Biología organicista es aproximadamente una inversión del argumento que acabamos de considerar. El argumento afirma que la Biología mira al futuro, especialmente al tratar de las *funciones* de un modo que no es propio de las ciencias físicas. Morton Beckner, por ejemplo, arguye que, al hablar de que algo desempeña una función particular, ciertamente no estamos refiriéndonos en ningún sentido, a una doctrina de causas finales. Sin embargo, tiene la impresión de que dirigimos nuestro interés al futuro de tal modo que nos sentiríamos perdidos si tratáramos de eliminar totalmente la referencia a funciones. Beckner termina su observación con el ejemplo siguiente:

> Supóngase que observamos un depósito donde hay una sola anchoa y que introducimos una barracuda en el depósito. Al principio nada ocurre, luego, cuando sería razonable esperar que la anchoa ha avistado ya a la barracuda, la anchoa se comporta del modo siguiente: se vuelve bruscamente, nada rápidamente hacia la superficie, salta fuera del agua, retorna y repite la secuencia. Toda la descripción (llámesela *B*) está, por lo menos supuestamente, expresada en un lenguaje no teleológico. Una descripción exacta del mismo comportamiento serviría como base de una descripción teleológica (llámesela *A*): «Al avistar a la barracuda, la anchoa tiene una reacción de fuga.» Desde luego, *B* no traduce a *A*. En cierto modo, *A* dice menos y, en otro, dice (y presupone) más. *A* dice menos que *B*, porque *B* ofrece detalles no mencionados en *A*. Dice más, porque al llamar «reacción de fuga» al comportamiento de la anchoa, implica que éste desempeña la función de la fuga, mientras que *B* no lo implica (Beckner, 1961, 162-3).

La opinión de Beckner es, por lo tanto, que un tratamiento enteramente no funcional, todo lo que las actuales Física y Química pueden ofrecer, tendría por fuerza que perder algo que el tratamiento biológico funcional posee. En esto estoy de acuerdo con él (como —creo— lo indicaba en mi discusión final del capítulo anterior); por lo tanto, quisiera concluir aquí como terminé mi

discusión sobre la naturaleza histórica de la Biología. Podría haber un tratamiento no-funcional, no-teleológico de los fenómenos biológicos; en concreto, podría haber un tratamiento físico-químico de los fenómenos biológicos y no veo ninguna razón para que este tratamiento no fuera enteramente adecuado. Sin embargo, para bien o para mal, tal tratamiento de los fenómenos biológicos no podría realizar todo lo que hace la Biología de nuestros días. En particular, no atraería nuestra atención para considerar ciertas cosas a la luz de lo que les ocurrirá en el futuro. Se puede eliminar la teleología, pero no traducirla mal. Alternativamente, sería posible introducir tal interés por el futuro en la Física y Química, pues, como parece mostrar la explicación basada en el principio de Fermat, ello no sería lógicamente imposible; pero, entonces, una vez más, no se estarían explicando todos los aspectos del mundo biológico, dadas las teorías físico-químicas con que contamos hoy día. Por lo tanto, cualquiera que sea la manera de enfocar el problema, parece que habría aspectos de la Biología actual que eluden la Física y Química actuales. De ahí que, como en el anterior argumento organicista, haya alguna verdad en éste.

El tercer y último argumento organicista cuyo mérito reconozco, gira en torno a la naturaleza del *orden* biológico, aunque, una vez más, en mi opinión, no está tan probada como algunos biólogos pretenden. No puede haber duda de que los fenómenos biológicos, desde los genes en el cromosoma hasta los miembros de las especies, están muy organizados. Muchos autores han tomado este hecho para argumentar que las teorías biológicas pueden encararse con este orden y dar cuenta de él; pero consideran que sería un desafío demasiado grande para la Física y la Química. Así concluyen de nuevo que la Biología debe permanecer siempre autónoma (Cf. Polanyi, 1968; pero también Causey, 1969).

Obviamente, llevado al extremo, este argumento debe fallar. No se puede ciertamente afirmar que la Física y Química no atiendan absolutamente al orden. Indudablemente, el orden puede ser totalmente distinto. Considérense, por ejemplo, las leyes que gobiernan las corrientes que fluyen a través de resistencias. Si hay dos resistencias (de magnitudes R_1 y R_2), unidas en serie, su resistencia combinada está entonces dada por la ley:

$$R = R_1 + R_2$$

En cambio, si estas mismas resistencias son paralelas, su resistencia combinada está entonces dada por una ley diferente:

$$1/R = 1/R_1 + 1/R_2$$

El orden juega claramente cierto papel en el pensamiento del físico.

De hecho, no se puede realmente siquiera afirmar que la Física y la Química no prestan atención al orden biológico. Hemos visto cómo la Genética biológica ha tenido que abandonar la idea de que los genes puedan ser considerados como cuentas ensartadas al azar en un cordel. Hoy está establecido que el orden de los genes en una célula es de fundamental importancia y este caso es obviamente de orden biológico. Sin embargo, sería ridículo decir que la Física y la Química y, en particular, la Biología molecular, son insensibles a este orden. La realidad es todo lo contrario. La Biología molecular estudia el orden del material celular de la herencia hasta un par singular de nucleótidos. Como hemos visto, es una premisa absolutamente clave de Genética molecular, son insensibles a este orden. En realidad en todos los tipos de bases, una enorme cantidad de información puede estar contenida dentro de una molécula de ADN, en virtud de las maneras casi infinitas, en que las bases pueden ordenarse a lo largo de la molécula. De ahí que los biólogos moleculares se interesen sobre todo en este mismo orden más que los biólogos no-moleculares.

Sin embargo, como en los dos argumentos anteriores, hay un grano importante de verdad en el argumento organicista sobre el orden biológico: que los científicos, particularmente los físicos, deben considerar el orden biológico como un dato, pues no pueden esperar explicarlo completamente con sus teorías actuales. Por ejemplo, partiendo de premisas de sus teorías físico-químicas, los científicos físicos podrían explicar por qué la molécula de ADN sólo tiene esos tipos de bases y por qué el orden de las bases produce el efecto que produce. Sin embargo, con las teorías actuales, no parecen poder explicar por qué el orden es tal como es. Su situación se asemeja a la de un físico que se enfrentara con la corriente que fluye a través de resistencias. El físico puede con sus teorías explicar el efecto del orden existente en el momento, pero no puede explicar cómo ese mismo orden llegó a tener la forma

que actualmente posee. La razón que explica por qué las resistencias se ordenan en serie y no paralelamente (o viceversa) está fuera del dominio de la Física.

¿Podrían esperar los biólogos moleculares presentar, algún día, un análisis físico-químico completo del orden biológico? Aun cambiando sus teorías, ¿tendrán que considerar siempre que cierto orden es un dato? Personalmente opino que sí; cualquier explicación sobre un orden dado en un tiempo concreto debe incluir cierta información acerca de dicho orden en un tiempo anterior (o posiblemente, en un tiempo futuro). Desde luego, con esto no se niega que, según vaya desarrollándose la Biología molecular, sea posible explicar el orden biológico presente a través de una teoría físico-química que se refiera a sistemas ordenados, cada vez anteriores. Presuntamente si se desarrollara una completa teoría evolucionista físico-química, la explicación podría teóricamente comenzar presuponiendo solamente el orden en el mundo inorgánico. Sin embargo, hay, al parecer, aquí un punto donde obviamente la teoría y la práctica nunca coincidirán. Por lo tanto, parece tener cierto mérito el argumento organicista sobre el orden biológico, aunque, como he venido explicando precisamente, en mi opinión, este mérito no es tan grande como algunos partidarios de la Biología organicista piensan (Cf. Schaffner, 1969b).

Antes de concluir este capítulo, debo hacer un comentario final: he estado arguyendo precisamente que, a mi modo de ver, los argumentos organicistas no son tan sólidos como algunos piensan. Sin embargo, aunque mis afirmaciones sean correctas, no quisiera que de ello se concluyera que, en consecuencia, yo estoy afirmando que todo el esfuerzo biológico debiera, de aquí en adelante, dirigirse a eliminar la Biología como disciplina independiente. Los logros de la Biología molecular son impresionantes y tienen implicaciones en casi todas las áreas de la Biología. Sin embargo, muchas áreas de la Biología, por ejemplo, la Sistemática y la Paleontología, continúan ocupándose esencialmente de problemas puramente biológicos y pueden dar soluciones apoyados solamente en teorías que en sí mismas son biológicas. Es posible, más aún es casi cierto, que en los años venideros, veremos que las técnicas y resultados de la Biología molecular desempeñarán un papel cada vez más importante en la solución de problemas planteados por áreas como la Paleontología y la Sistemática. Pero, por el momento, nuestro enfoque debe ser fundamentalmente bioló-

gico y, por lo tanto, si nos centráramos exclusivamente en la Biología molecular, dejaríamos de intentar la resolución de los problemas de estas áreas. Tal omisión, a mi modo de ver, implica una actitud tan unilateral como la de los biólogos tradicionales que se niegan absolutamente a ver los méritos de los recientes progresos en la Biología molecular. (Una interesante cuestión, quizá más psicológica que filosófica, pretendería dilucidar por qué muchos grandes biólogos actuales se oponen firmemente a cualquier tipo de tesis biológica reduccionista. Hein, 1969, hace algunos comentarios interesantes sobre este problema. Yo mismo, Ruse, 1971e, he tratado de encontrar algunas respuestas usando la noción de «paradigma» de Kuhn, 1962.)

EPILOGO

Tengo grandes esperanzas de que este libro habrá convencido a algunos filósofos de la existencia de interesantes cuestiones filosóficas en muchas áreas de la Biología. También espero que el libro habrá convencido a algunos biólogos de que las ideas y técnicas de la Filosofía tienen importancia para el objeto de su actividad científica. Soy sumamente consciente de que este libro, tanto desde el punto de vista filosófico, como biológico, omite cosas importantes. Me doy perfecta cuenta de que muchas áreas de la Biología, por ejemplo, la Embriología, han sido prácticamente ignoradas por completo. Mi silencio sobre ellas no debería tomarse como indicio de que, en mi opinión, no tengan significación filosófica; al contrario, estoy seguro de que tales áreas contienen, de hecho, importantes problemas que sólo esperan ser analizados. La principal omisión del libro es posiblemente la ausencia de todo intento de relacionar las ciencias biológicas con las ciencias del hombre. Estoy absolutamente convencido de que, en el futuro, la Biología se fundirá precisamente, por un extremo, con las ciencias físicas y, por el otro, con las ciencias sociales. Veremos, que disciplinas como la Sicología, la Sociología y la Antropología incorporarán, cada vez más, a sus teorías resultados obtenidos por los biólogos. Durante este proceso, los filósofos desempeñarán, a mi modo de ver, un papel cada vez más importante. Por el

contrario, el encuentro de las ciencias sociales y biológicas clarificará —en mi opinión— de manera importante, los problemas filosóficos tradicionales del libre albedrío, del determinismo y de la naturaleza y relaciones de cuerpo y mente. No me queda espacio siquiera para predecir los resultados de la confrontación entre las ciencias biológicas y sociales, pero, si buscara un proyecto de primera magnitud para la Filosofía de la Biología, comenzaría mi investigación en el lugar de encuentro de los dos tipos de ciencia.

BIBLIOGRAFIA

Achinstein, P. (1968), *Concepts of Science*. Baltimore, Johns Hopkins Press.

Achinstein, P. (1971), *Law and Explanation: An Essay in the Philosophy of Science*, Oxford, Oxford University Press.

Alexander, H. G. (1958), «General statements as rules of inference», en *Minnesota Studies in the Philosophy of Science*, **2**, H. Feigl, M. Scriven y G. Maxwell (Eds.), 309-29.

Ayala, F. J. (1968), «Biology as an autonomous science», *Am. Sci*, **56**, 207-21.

Barker, A. D. (1969), «An approach to the theory of natural selection», *Philosophy*, **XLIV**, 271-90.

Beckner, M. (1959), *The Biological Way of Thought*, New York, Columbia University Press.

Beckner, M. (1967), «Aspects of explanation in biological theory», en *Philosophy of Science Today*, S. Morgenbesser (Ed.), New York, Basic Books.

Beckner, M. (1969), «Function and teleology», *J. Bio.*, **2**, 151-64.

Benzer, S. (1962), «The fine structure of the gene», *Scientific American*, **206**, 70-84.

Bowman, R. I. (1961), *Morphological Differentation and Adaptation in the Galapagos Finches*, University of California Publications in Zoology, **LVIII.**

Braithwaite, R. B. (1953), *Scientific Explanation*, Cambridge, Cambridge University Press.

Bridgman, P. W. (1927), *The Logic of Modern Physics*, New York, Macmillan.

Brodbeck, M. (1962, «Explanation, prediction, and "imperfect" knowlege», en *Minnesota Studies in the Philosophy of Science*, H. Feigl y G. Maxwell (Eds.), Minnesota, University of Minnesota Press, 231-72.

Buck, R. C. y Hull, D. L. (1966), «The logical structure of the Linnaean hierarchy», *Systematic Zoology*, **15**, 97-111.

Buck, R. C. y Hull, D. L. (1969), «A reply to Gregg», *Systematic Zoology*, **18**, 354-7.

Cain, A. J. (1954), *Animal Species and their Evolution*, London, Hutchinson.

Cannon, H. G. (1965), «What Lamarck really said», *Proc. Lin. Soc. London*, **168**, 70-87.

Cannon, H. G. (1958), *Lamarck and Modern Genetics*, Manchester, Manchester University Press.

Carlo, W. E. (1967), *Philosophy, Science and Knowledge*, Milwaukee, Bruce.

Carlson, E. A. (1966), *The Gene: A Critical History*, Philadelphia, Saunders.

Carter, G. S. (1951), *Animal Evolution*, London, Sidgwick and Jackson.

Causey, R. (1969), «Polanyi on structure and reduction», *Synthese*, **20**, 230-7.

Csonka, P. L. (1969), «Advanced effects in particle physics», I, *Physical Review*, **180,** 1266-81.

Darwin, C. (1959 ed.), *The Origin of Species by Means of Natural Selection,* 1ª ed. 1859, Variorum test, M. Peckham (Ed.), 1959, Philadelphia, University of Pennsylvania Press.

Davis, P. H. y Heywood, V. H. (1963), *Principles of Angiosperm Taxonomy,* Edinburgh, Oliver and Boyd.

Delbrück, M. (1949), «A physicist looks at biology», *Transactions of the Connecticut Academy of Arts and Sciences,* **38,** 173-90.

Delevoryas, T. (1964), «The role of palaeobotany in vascular plant classification», in *Phenetic and Phylogenetic Classification,* V. H. Heywood y J. McNeill (Eds.), London, The Systematics Association, 29-36.

Dobzhansky, Th. (1937), *Genetics and the Origin of Species.,* 3ª ed. 1951, New York, Columbia University Press.

Dobzhansky, Th. (1956), «What is an adaptive trait?» *American Naturalist,* **XC,** 337-47.

Dobzhansky, Th. (1962), *Mankind Evolving,* New York, Columbia University Press.

Dobzhansky, Th. (1970), *Genetics of the Evolutionary Process,* New York, Columbia University Press.

Ehrlich, P. R. (1964), «Some axioms of taxonomy», *Systematic Zoology,* **13,** 109-23.

Ehrlich, P. R. y Holm, R. W. (1962), «Patterns and population», *Science,* **137,** 652-7.

Ehrlich, P. R. y Raven, P. H. (1969), «Differentiation of populations», *Science,* **165,** 1228-32.

Falconer, D. S. (1961), *Introduction to Quantitative Genetics,* New York, Ronald Press.

Feyerabend, P. K. (1962), «Explanation, reduction, and empiricism», en *Minnesota Studies in the Philosophy of Science,* **3,** H. Feigl y G. Maxwell (Eds.), Minneapolis, University of Minnesota Press, 28-97.

Fisher, R. A. (1936), «Has Mendel's work been rediscovered?», *Annals of Science,* **1,** 115-37, Reimpreso en *The Origins of Genetics: A Mendel Source Book,* C. Stern y E. R. Sherwood (Eds.), San Francisco, Freeman, 1966, 139-72.

Ford, E. B. (1964), *Ecological Genetics,* London, Methuen.

Gallie, W. B. (1955), «Explanation in history and the genetic sciences», *Mind,* **64,** 160-80.

George, W. (1964), *Elementary Genetics,* London, Macmillan.

Ghiselin, M. (1966), «On psychologism in the logic of taxonomic controversies», *Systematic Zoology,* **15,** 207-15.

Gibson, Q. (1960), *The Logis of Social Enquiry,* London, Routledge and Kegan Paul.

Glass, B. (1963), «The relation of the physical sciences to biology—indeterminacy and causality», in *Philosophy of Science: The Delaware Seminar,* **1,** B. Baumrin (Ed.), New York, Interscience, 223-49.

Goldschmidt, R. B. (1940), *The Material Basis of Evolution,* New Haven, Yale University Press.

Goldschmidt, R. B. (1952), «Evolution as viewed by one geneticist», *American Scientist,* **40,** 84-135.

Goudge, T. A. (1961), *The Ascent of Life,* Toronto, University of Toronto Press.

Gregg, J. R. (1954), *The Language of Taxonomy,* New York, Columbia University Press.

Gregg, J. R. (1967), «Finite Linnean structures», *Bulletin of Mathematical Biophysics,* **29,** 191-206.

Gregg, J. R. (1968), «Buck and Hull: a critical rejoinder», *Systematic Zoology,* **17,** 342-4.

Gruner, R. (1966), «Teleological and functional explanations», *Mind,* **LXXV,** 516-26.

Gruner, R. (1969), «Uniqueness in nature and history», *Phil Quart.,* **19,** 145-54.

Haldane, J. B. S. (1964), «A defense of bean bag genetics», *Pers. Biol. Med.,* **7,** 343-59.

Hanson, N. R. (1958), *Patterns of Discovery,* Cambridge, Cambridge University Press.

Hein, H. (1969), «Molecular biology vs organicism», *Synthese,* **20,** 238-54.

Helmer, O. y Rescher, N. (1959), «On the epistemology of the inexact sciences», *Management Science,* **6,** 25-52.

Hempel, C. G. (1954), «A logical appraisal of operationism», *Scientific Monthly,* **79,** 215-20, Reimpreso en C. G. Hempel, *Aspects of Scientific Explanation,* 1965, New York, The Free Press, 123-33.

Hempel, C. G. (1959), «The logic of functional analysis», en *Symposium on Sociological Theory,* L. Gross (Ed.), New York, Harper and Row, 271-307.

Hempel, C. G. (1965), «Aspects of scientific explanation», en *Aspects of Scientific Explanation and Other Essays in the Philosophy of Science,* New York, The Free Press.

Hempel, C. G. (1966), *Philosophy of Natural Science,* Englewood, N. J., Prentice-Hall. [*Filosofía de la Ciencia Natural,* Alianza Universidad.]

Hempel, C. G. y Oppenheim, P. (1948), «Studies in the logic of explanation», *Phil. Sci.,* **15,** 135-75.

Himmelfarb, G. (1962), *Darwin and the Darwinian Revolution,* New York, Anchor.

Hull, D. L. (1967), «Certainty and circularity in evolutionary taxonomy», *Evolution,* **21,** 174-89.

Hull, D. L. (1968), «The operational imperative, Sense and nonsense in operationism», *Systematic Zoology,* **17,** 438-57.

Hull, D. L. (1970a), «Contemporary systematic philosophies», *Annual Review of Ecology and Systematics,* **1,** 19-54.

Hull, D. L. (1970b), «Morphospecies and biospecies: a reply to Ruse», *Brit. J. Phil. Sci.,* **21,** 280-2.

Jepson, G. L. (1949), «Selection, "orthogenesis", and the fossil record», *Proc. Am. Phil. Soc.,* **93,** 479-500.

Kettlewell, H. B. D. (1955), «Selection experiments on industrial melanism in the *Lepidoptera*», *Heredity,* **9,** 323-42.

Körner, S. (1966), *Experience and Theory: An Essay in the Philosophy of Science,* London, Routledge and Kegan Paul.

Kuhn, T. S. (1962), *The Structure of Scientific Revolution,* Chicago, University of Chicago Press.

Lack, D. (1947), *Darwin's Finches: An Essay on the General Biological Theory of Evolution,* Cambridge, Cambridge University Press.
Lack, D. (1954), *The Natural Regulation of Animal Numbers,* Oxford, Oxford University Press.
Lack, D. (1966), *Population Studies of Birds,* Oxford, Oxford University Press.
Lamarck, J. B. (1809), *Zoological Philosophy,* Trad. H. Elliot 1963, New York, Hafner.
Lehman, H. (1965a), «Functional explanation in biology», *Phil Sci.,* **32,** 1-20.
Lehman, H. (1965b), «Teleological explanation in biology», *Brit. J. Phil. Sci.,* **15,** 327.
Lehman, H. (1967), «Are biological species real?», *Phil. Sci.,* **34,** 157-67.
Lewontin, R. C. (1970), «The units of selection», *Annual Review of Ecology and Systematics,* **1,** R. F. Johnston, *et al.* (Eds.). California, Annual Reviews Inc., 1-18.
Li, C. C. (1955), *Population Genetics,* Chicago, Chicago University Press.
Livingstone, F. B. (1967), *Abnormal Hemoglobins in Human Populations,* Chicago, Aldine.
Livingstone, F. B. (1971), «Malaria and human polymorphisms», *Annual Review of Genetics,* **5,** 33-64.
Mackie, J. L. (1966), «The direction of causation», *Phil. Review,* **LXXV,** 441-66.
Manser, A. R. (1965), «The concept of evolution», *Philosophy,* **XL,** 18-34.
Mayr, E. (1942), *Systematics and the Origin of Species,* New York, Columbia University Press.
Mayr, E. (Ed.) (1957), *The Species Problem.,* Washington, D.C., A.A.A.S. Pub. 50.
Mayr, E. (1963), *Animal Species and Evolution,* Cambridge, Mass., Belknap.
Mayr, E. (1965), «Numerical phenetics and taxonomic theory», *Systematic Zoology,* **14,** 73-97.
Mayer, E. (1969), *Principles of Systematic Zoology,* New York, McGraw-Hill.
Mayr, E. (1972), «Lamarck revisited», *J. Hist. Bio.,* **5,** 55-94.
Michener, C. D. (1963), «Some future developments in taxonomy», *Systematic Zoology,* **13,** 151-72.
Montefiore, A. (1956), «Profesor Gallie on "necessary and sufficient conditions"», *Mind,* **65,** 534-41.
Muller, H. J. (1939), «Reversibility in evolution considered from the standpoint of genetics», *Biol. Rev.,* **14,** 261-80.
Munson, R. (1971), «Biological adaptation», *Phil. Sci.,* **38,** 200-215.
Munson, R. (1972), «Biological adaptation: a reply», *Phil. Sci.,* **39.**
Nagel, E. (1961), *The Structure of Science,* London, Routledge and Kegan Paul.
Polanyi, M. (1968), «Life's irreducible structure», *Science,* **160,** 1308-12.
Race, R. R. y Sanger, R. (1954), *Blood Groups in Man.,* 2ª ed. Oxford, Blackwell.
Raper, A. B. (1960), «Sickling and malaria», *Trans. Ray. Soc. Trop. Med. Hyg.,* **54,** 503-4.
Rensch, B. (1960), «The laws of evolution», en *Evolution after Darwin,* vol. I, Sol Tax. Chicago, Chicago University Press, 95-116.
Romer, A. S. (1941), *Man and the Vertebrates,* Chicago, Chicago University Press.
Ross, H. H. (1964), «Review of *Principles of Numerical Taxonomy*», *Systematic Zoology,* **13,** 108.

Rudwick, M. J. S. (1964), «The inference of function from structure in fossils», *Brit. J. Phil. Sci.*, **15,** 27-40.

Rudwick, M. J. S. (1972), *The Meaning of Fossils,* London, Macdonald.

Ruse, M. (1969), «Definitions of species in biology», *Brit. J. Phil. Sci.*, **20,** 97-119.

Ruse, M. (1970a), «The revolution in biology», *Theoria,* **XXXVI,** 1-22.

Ruse, M. (1970b), «Are there laws in biology?», *Aust. J. Phil.*, **48,** 234-46.

Ruse, M. (1971a), «Natural selection in *The Origin of Species*», *Studies in History and Philosophy of Science,* **1,** 311-51.

Ruse, M. (1971b), «The species problem: a reply to Hull», *Brit. J. Phil. Sci.*, **22,** 369-71.

Ruse, M. (1971c), «Gregg's Paradox: A proposed revision to Buck and Hull's solution», *Systematic Zoology,* **20,** 239-45.

Ruse, M. (1971d), «Reduction, replacement, and molecular biology», *Dialectica,* **25,** 39-72.

Ruse, M. (1971e), «Two biological revolution», *Dialectica,* **25,** 17-38.

Ruse, M. (1971), «Functional statements in biology», *Phil. Sci.*, **38,** 87-95.

Ruse, M. (1972), «Biological adaptation», *Phil. Sci.*, **39.**

Ryle, G. (1950), «"If", "so", and "because"», in *Philosophical Analysis,* M. Black (ed.), Englewood Cliffs, Prentice-Hall.

Schaffner, K. F. (1967a), «Approaches to reduction», *Phil. Sci.*, **34,** 137-47.

Schaffner, K. F. (1967b), «Antireductionism and molecular biology», *Science,* **157,** 644-7.

Schaffner, K. F. (1969a), «The Watson-Crick model and reductionism», *Brit. J. Phil. Sci.*, **20,** 325-48.

Schaffner, K. (1969b), «Theories and explanations in biology», *J. Hist. Bio.*, **2,** 19-33.

Schaffner, K. F. (1969c), «Chemical systems and chemical evolution. The philosophy of molecular biology», *American Scientist,* **57,** 410-20.

Schindewolf, O. H. (1950), *Gundfragen der Paläontologie,* Stuttgart, Schweizerbart.

Schlesinger, G. (1963), *Method in the Physical Sciences,* New York, The Humanities Press.

Seriven, M. (1959), «Explanation and prediction in evolutionary theory», *Science,* **130,** 477-82.

Scriven, M. (1961), «The key property of physical laws—inaccuracy», en *Current Issues in the Philosophy of Science.* H. Feigl y G. Maxwell (Eds.), New York. Holt, Reinhart and Wiston, 91-101.

Simpson, G. G. (1951), «The species concept», *Evolution,* **5,** 285-98.

Simpson, G. G. (1953), *The Major Features of Evaluation,* New York, Columbia University Press.

Simpson, G. G. (1963a), «Historical science», en *The Fabric of Geology,* C. C. Albritton Jr. (Ed.), Stanford, California, Freeman, Cooper and Co., 24-48.

Simpson, G. G. (1963b), *This View of Life,* New York, Harcourt, Brace and World.

Sklar, A. (1964), «On category overlapping in taxonomy», en *Form and Strategy in Science,* J. R. Gregg and F. T. C. Harris (Eds.), Dordrecht: Reidel.

Smart, J. J. C. (1963), *Philosophy and Scientific Realism,* London, Routledge and Kegan Paul.

Sokal, R. R. y Rohlf, F. J. (1970), «The intelligent ignoramus, an experiment in numerical taxonomy», *Taxon.*, **19**, 305-19.

Sokal, R. R. y Sneath, P. H. A. (1963), *Principles of Numerical Taxonomy*, San Francisco, W. H. Freeman and Co.

Sommerhoff, G. (1950), *Analytical Biology*, Oxford, Oxford University Press.

Spector, M. (1966), «Theory and observation», *Brit. J. Phil. Sci.*, **XVII**, 1-20, 89-104.

Stebbins, G. L. (1950), *Variation and Evolution in Plants*, New York, Columbia University Press.

Sturtevant, A. H. (1925), «The effects of unequal crossing over at the bar locus in *Drosophila*», *Genetics*, **10**, 111-47.

Taylor, C. (1964), *The Explanation of Behaviour*, London, Routledge and Kegan Paul.

Thoday, J. M. y Gibson, J. B. (1962), «Isolation by disruptive selection», *Nature*, **193**, 1164-6.

Toulmin, S. (1961), *Foresight and Understanding*, London, Hutchinson.

Van Valen, L. (1964), «An analysis of some taxonomic concepts», en *Form and Strategy in Science*, J. R. Gregg y F. T. C. Harris (Eds.), Dordrecht, Reidel.

Von Bertalanffy, L. (1952), *Problems of Life*, New York, John Wiley.

Waddington, C. H. (1957), *The Strategy of the Genes*, London, George Allen and Unwin.

Waddington, C. H. (Ed.) (1969), *Towards a Theoretical Biology*, 2, *Sketches*, Edinburgh, Edinburgh University Press. [*Hacia una biología teórica*, 2, Alianza Universidad.]

Watson, J. D. (1965, 2nd ed. 1970), *Molecular Biology of the Gene*, New York, Benjamín.

Whewell, W. (1840), *Philosophy of the Inductive Sciences*, London, Parker.

Whitehouse, H. L. K. (1965), *Towards an Understanding of the Mechanism of Heredity*, New York, St. Martin's Press.

Williams, G. C. (1966), *Adaptation and Natural Selection: A Critique of Some Current Evolutionary Thought*, Princeton University Press.

Williams, M. B. (1970), «Deducing the consequences of evolution: a mathematical model», *J. Theoretical Biology*, **29**, 343-85.

Wimsatt, W. C. (1970), «Some problems with the concept of "feedback"», *Boston Studies in the Philosophy of Science*, **8**, 241-56.

Wimsatt, W. (1972), «Teleology and the logical structure of function statements», *Stud. Hist. Phil. Sci.*, **3**, 1-80.

Woodger, J. H. (1952), *Biology and Language*, Cambridge, Cambridge University Press.

Wright, L. (1972), «A comment on Ruse's analysis of function statements», *Phil. Sci.*, **39**.

Wright, S. (1931), «Evolution in Mendelian populations», *Genetics*, **16**, 97-159.

Wright, S. (1966), «Mendel's Ratios», en *The Origins of Genetics: A Mendel Source Book*, C. Stern and E. R. Sherwood (Eds.). San Francisco, W. H. Freeman, 173-5.

Wynne-Edwards, V. C. (1962), *Animal Dispersion in relation to Social Behaviour*, Edinburgh, Oliver and Boyd.

Young, R. M. (1971), «Darwin's metaphor: does nature select?», *Monist*, **55**, 442-503.